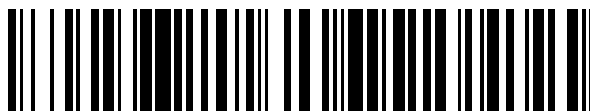


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 664 590**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/113** (2010.01)

**C12N 15/63** (2006.01)

**A61K 31/713** (2006.01)

**C12N 5/074** (2010.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **18.05.2010 PCT/US2010/035264**

87 Fecha y número de publicación internacional: **25.11.2010 WO10135329**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **18.05.2010 E 10778258 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **15.11.2017 EP 2432881**

54 Título: **Tratamiento de enfermedades relacionadas con factores de reprogramación por inhibición del transcrito antisentido natural a un factor de reprogramación**

30 Prioridad:

**18.05.2009 US 179056 P**

**14.08.2009 US 233996 P**

**16.12.2009 US 286852 P**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:  
**20.04.2018**

73 Titular/es:

**CURNA, INC. (100.0%)  
4400 Biscayne Boulevard  
Miami, FL 33137, US**

72 Inventor/es:

**COLLARD, JOSEPH y  
KHORKOVA SHERMAN, OLGA**

74 Agente/Representante:

**PONS ARIÑO, Ángel**

ES 2 664 590 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

Tratamiento de enfermedades relacionadas con factores de reprogramación por inhibición del transcrito antisentido natural a un factor de reprogramación

5

### CAMPO DE LA DIVULGACIÓN

La presente solicitud reivindica la prioridad de la solicitud de patente provisional de Estados Unidos N.º 61/179.056, presentada el lunes, 18 de mayo de 2009, de la N.º 61/233,996 presentada el 14 de agosto de 2009 y de la solicitud de patente provisional de Estados Unidos N.º 61/286,852 presentada el 16 de diciembre de 2009.

10

Aspectos de la divulgación comprenden oligonucleótidos que modulan la expresión y/o la función de un factor de reprogramación y moléculas asociadas.

### ANTECEDENTES

15

La hibridación ADN-ARN y ARN-ARN son importantes para muchos aspectos de la función del ácido nucleico incluyendo replicación, transcripción y traducción del ADN. La hibridación también es fundamental para una variedad de tecnologías que tanto detectan un ácido nucleico particular como alteran su expresión. Los nucleótidos antisentido, por ejemplo, alteran la expresión génica hibridándose con ARN diana, interfiriendo así con el splicing, la transcripción, la traducción y la replicación de ARN. El ADN antisentido tiene la característica añadida de que los híbridos de ADN-ARN sirven de sustrato para la digestión por ribonucleasa H, una actividad que está presente en la mayoría de los tipos de células. Las moléculas antisentido pueden suministrarse al interior de células, como es el caso para oligodesoxinucleótidos (ODN), o pueden expresarse a partir de genes endógenos como moléculas de ARN. La FDA recientemente aprobó un fármaco antisentido, VITRAVENE™ (para el tratamiento de retinitis por citomegalovirus), que refleja que el antisentido tiene utilidad terapéutica. Xu et al. (Cell (2009), 137(4):647-658) describen que el microARN 145 regula OCT4, SOX2 y KLF4 y reprime la pluripotencia en las células madre de embriones humanos. Richards et al. (Stem Cells (2006), 24(5):1162-1173) describen que la caracterización inversa del análisis seriado de la expresión génica (SAGE) de las etiquetas SAGE huérfanas de células madre de embriones humanos identifica la presencia de transcripciones novedosas y transcripciones antisentido de los principales genes de la pluripotencia. Takahashi et al. (Cell (2006), 126(4):663-676) describen la inducción de células madre pluripotentes por factores definidos, a partir de cultivos de fibroblastos murinos embrionarios y adultos. Takahashi et al. (Cell (2007), 131(5):861-872) describen la inducción de células madre pluripotentes por factores definidos, a partir de fibroblastos humanos adultos. Sachdeva et al. (PNAS (2009), 106(9):3207-3212) describen que p53 reprime c-Myc a través de la inducción del supresor tumoral miR-145. La patente de Estados Unidos N.º US2009/068742 describe un factor de reprogramación nuclear. Maherali et al. (Cell Stem Cell (2007), 1 (ISS. 1):55-7) describen que los fibroblastos directamente reprogramados muestran una remodelación epigenética completa y una aportación de tejidos generalizada. Chamberlain et al. (Neurogenetics (2008), 9(4):227-235) describen células madre pluripotentes inducidas como modelos *in vitro* de trastornos neurogenéticos humanos. Lavorgna et al. (Trends in Biochem. Sci. (2004), (29(2):88-94) se refieren a la búsqueda del antisentido. Lehner et al. (Trends in Genetics (2002), 18(2):63-65) describen transcritos antisentido en el genoma humano.

20

25

30

35

40

### RESUMEN

La invención se define por las reivindicaciones. Aquellos aspectos/casos de la presente divulgación que constituyen la invención se definen por las reivindicaciones.

45

En un aspecto, la divulgación proporciona procedimientos de inhibición de la acción de un transcrito antisentido natural usando uno o más oligonucleótidos antisentido dirigidos a cualquier región del transcrito antisentido natural produciendo la regulación positiva del gen sentido correspondiente. También está contemplado en el presente documento que la inhibición del transcrito antisentido natural pueda conseguirse mediante siRNA, ribozimas y moléculas pequeñas, que se considera que están dentro del alcance de la presente divulgación.

50

Un aspecto proporciona un procedimiento de modulación de la función y/o la expresión de un polinucleótido de un factor de reprogramación en células o tejidos del paciente *in vivo* o *in vitro* que comprende poner en contacto dichas células o tejidos con un oligonucleótido antisentido de 5 a 30 nucleótidos de longitud, donde dicho oligonucleótido tiene al menos un 50 % de identidad de secuencia con un complemento inverso de un polinucleótido que comprende de 5 a 30 nucleótidos consecutivos dentro de los nucleótidos 1 a 993 de las SEQ ID NO: 4, 1 a 493 de SEQ ID NO: 5 y 1 a 418 de SEQ ID NO: 6 modulando de este modo la función y/o la expresión del polinucleótido del factor de reprogramación en células o tejidos del paciente *in vivo* o *in vitro*.

55

60

5 En otro aspecto, un oligonucleótido se dirige a una secuencia antisentido natural de polinucleótidos de un factor de reprogramación, por ejemplo, nucleótidos expuestos en SEQ ID NO: 4 a 6, y cualquier variante, alelo, homólogo, mutante, derivado, fragmento y secuencia complementaria a los mismos. Ejemplos de oligonucleótidos antisentido se exponen como las SEQ ID NO: 7 a 17.

10 Otro aspecto proporciona un procedimiento de modulación de la función y/o la expresión de un polinucleótido de un factor de reprogramación en células o tejidos del paciente in vivo o in vitro, que comprende poner en contacto dichas células o tejidos con un oligonucleótido antisentido de 5 a 30 nucleótidos de longitud, donde dicho oligonucleótido tiene al menos un 50 % de identidad de secuencia con un complemento inverso de un antisentido del polinucleótido del factor de reprogramación; modulando de este modo la función y/o la expresión del polinucleótido del factor de reprogramación en células o tejidos del paciente in vivo o in vitro.

15 Otro aspecto proporciona un procedimiento de modulación de la función y/o la expresión de un polinucleótido de un factor de reprogramación en células o tejidos del paciente in vivo o in vitro, que comprende poner en contacto dichas células o tejidos con un oligonucleótido antisentido de 5 a 30 nucleótidos de longitud, donde dicho oligonucleótido tiene al menos un 50 % de identidad de secuencia con un oligonucleótido antisentido de un polinucleótido antisentido de un factor de reprogramación; modulando de este modo la función y/o la expresión del polinucleótido del factor de reprogramación en células o tejidos del paciente in vivo o in vitro.

20 En un aspecto, una composición comprende uno o más oligonucleótidos antisentido que se unen a polinucleótidos de un factor de reprogramación sentido y/o antisentido.

25 En otro aspecto, los oligonucleótidos comprenden uno o más nucleótidos modificados o sustituidos.

En otro aspecto, los oligonucleótidos comprenden uno o más enlaces modificados.

30 En otro aspecto más, los nucleótidos modificados comprenden bases modificadas que comprenden fosforotioato, metilfosfonato, ácidos nucleicos peptídicos, 2'-O-metilo, fluoro- o carbono, metileno u otras moléculas de ácido nucleico bloqueado (LNA). Preferentemente, los nucleótidos modificados son moléculas de ácido nucleico bloqueado, que incluyen  $\alpha$ -L-LNA.

35 En otro aspecto, los oligonucleótidos se administran a un paciente por vía subcutánea, por vía intramuscular, por vía intravenosa o por vía intraperitoneal.

40 En otro aspecto, los oligonucleótidos se administran en una composición farmacéutica. Un régimen de tratamiento comprende administrar los compuestos antisentido al menos una vez al paciente; sin embargo, este tratamiento puede modificarse para comprender múltiples dosis durante un periodo de tiempo. El tratamiento puede combinarse con uno o varios de otros tipos de terapias.

45 En otro aspecto, los oligonucleótidos están encapsulados en un liposoma o unidos a una molécula portadora (por ejemplo, colesterol, péptido TAT).

Otros aspectos se describen más adelante.

## BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS DIBUJOS

### Figura 1:

50 La figura 1A es un gráfico de resultados de PCR en tiempo real que muestra el cambio en veces + la desviación estándar en ARNm de SOX2 después del tratamiento de células HepG2 con oligonucleótidos de fosforotioato introducidos usando Lipofectamine 2000, en comparación con el control. Los resultados de PCR en tiempo real muestran que los niveles de ARNm de SOX2 en células HepG2 se incrementan significativamente 48 h después del tratamiento con dos de los siRNA diseñados para A1885646 antisentido de SOX2. Las barras indicadas como CUR-0404 y CUR-0406 se corresponden con muestras tratadas con las SEQ ID NO: 7 y 8 respectivamente.

55 La figura 1B es un gráfico de resultados de PCR en tiempo real que muestra el cambio en veces + la desviación estándar en ARNm de KLF4 después del tratamiento de células HepG2 con oligonucleótidos de fosforotioato introducidos usando Lipofectamine 2000, en comparación con el control. Los resultados de PCR en tiempo real muestran que los niveles de ARNm de KLF4 en células HepG2 se incrementan significativamente 48 h después del tratamiento con dos de los oligonucleótidos diseñados para KLF4 antisentido. Las barras indicadas como CUR-0933,

CUR-0931, CUR-0930 y CUR-0932 corresponden a muestras tratadas con las SEQ ID NO: 9 a 12 respectivamente. La figura 1C es un gráfico de resultados de PCR en tiempo real que muestra el cambio en veces + la desviación estándar en ARNm de POU5F1 después del tratamiento de células HepG2 con oligonucleótidos de fosforotioato introducidos usando Lipofectamine 2000, en comparación con el control. Las barras indicadas como CUR-1139 a CUR-1143 se corresponden con muestras tratadas con las SEQ ID NO 13 a 17 respectivamente.

## DESCRIPCIÓN DETALLADA

Varios aspectos de la divulgación se describen a continuación con referencia a aplicaciones de ejemplos para ilustración. Debe entenderse que los numerosos detalles, relaciones y procedimientos específicos se exponen para proporcionar un entendimiento completo de la divulgación. Un experto en la materia relevante, sin embargo, reconocerá fácilmente que la divulgación puede ponerse en práctica sin uno o más de los detalles específicos o con otros procedimientos. La presente divulgación no está limitada por el orden de actos o acontecimientos, ya que algunos actos pueden producirse en diferentes órdenes y/o simultáneamente con otros actos o acontecimientos. Además, no todos los actos o acontecimientos ilustrados son requeridos para implementar una metodología de acuerdo con la presente divulgación.

Todos los genes, nombres de genes, y productos génicos divulgados en el presente documento pretenden corresponderse a homólogos de cualquier especie para la cual las composiciones y procedimientos divulgados en el presente documento son aplicables. De este modo, los términos incluyen, aunque sin limitarse a, genes y productos génicos de seres humanos y ratones. Se entiende que, cuando se divulga un gen o producto génico de una especie particular, esta divulgación pretende ser ejemplar solamente, y no se interpreta como una limitación, a menos que el contexto en el que aparece lo indique claramente. De este modo, por ejemplo, para los genes divulgados en el presente documento, que en algunos aspectos se refieren a secuencias de ácidos nucleicos y de aminoácidos de mamífero, pretenden englobar genes homólogos y/u ortólogos y productos génicos de otros animales que incluyen, aunque sin limitarse a, otros mamíferos, peces, anfibios, reptiles y aves. En casos preferidos, los genes o secuencias de ácidos nucleicos son humanos.

### Definiciones

La terminología usada en el presente documento es con el fin de describir aspectos particulares solamente y no pretende ser limitante de la divulgación. Tal como se usan en la presente, se pretende que las formas en singular "un", "una", "el" y "la" incluyan también las formas plurales, a menos que el contexto indique claramente lo contrario. Además, siempre que las expresiones "que incluye", "incluyen", "que tiene", "tiene", "con", o variantes de los mismos se usan en la descripción detallada y/o las reivindicaciones, dichas expresiones pretenden ser inclusivas de una manera similar a la expresión "que comprende."

El término "aproximadamente" significa dentro de un intervalo de error aceptable para el valor particular como se ha determinado por un experto habitual en la materia, que dependerá en parte de cómo se mide o determina el valor, es decir, las limitaciones del sistema de medición. Por ejemplo, "alrededor de" puede significar 1 o más de 1 de desviación estándar, conforme a la práctica de la técnica. Como alternativa, "aproximadamente" puede significar un intervalo de hasta el 20 %, preferentemente hasta el 10 %, más preferentemente hasta el 5 %, y más preferentemente todavía hasta el 1 % de un valor dado. De manera alternativa, en particular con respecto a los sistemas o procesos biológicos, el término pueden significar un orden de magnitud de un valor preferentemente comprendido en 5 veces y más preferentemente, comprendido en 2 veces. En los casos en los que se describen valores particulares en la solicitud y las reivindicaciones, a menos que se exprese lo contrario, el término «alrededor de» significa que se debe asumir que el valor se encuentra comprendido en un intervalo de error aceptable para el valor particular.

Tal como se usa en el presente documento, el término "ARNm" significa (el) los transcrito(s) de ARNm actualmente conocidos de un gen elegido como diana, y cualquier transcrito adicional que pueda ser dilucidado.

Por "oligonucleótidos antisentido" o "compuesto antisentido" se indica una molécula de ARN o de ADN que se une a otro ARN o ADN (ARN, ADN diana). Por ejemplo, si éste es un oligonucleótido de ARN, se une a otra diana de ARN por medio de interacciones ARN-ARN y altera la actividad del ARN diana (Eguchi et al., (1991) Ann. Rev. Biochem. 60, 631-652). Un oligonucleótido antisentido puede regular positivamente o regular negativamente la expresión y/o función de un polinucleótido particular. La definición pretende comprender cualquier molécula de ARN o ADN extraña que es útil desde un punto de vista terapéutico, de diagnóstico u otro. Dichas moléculas incluyen, por ejemplo, moléculas de ARN o ADN antisentido, ARN de interferencia (ARNi), micro ARN, moléculas de ARN señuelo, siRNA, ARN enzimático, ARN de edición terapéutica y ARN agonista y antagonista, compuestos

oligoméricos antisentido, oligonucleótidos antisentido, oligonucleótidos de secuencia guía externa (EGS), agentes de splicing alternativos, cebadores, sondas y otros compuestos oligoméricos que hibridan con al menos una parte del ácido nucleico diana. Por lo tanto, estos compuestos pueden introducirse en forma de compuestos oligoméricos monocatenarios, bicatenarios, parcialmente monocatenarios, o circulares.

5 En el contexto de esta divulgación, el término "oligonucleótido" se refiere a un oligómero o polímero de ácido ribonucleico (ARN) o ácido desoxirribonucleico (ADN) o miméticos de los mismos. El término "oligonucleótido" también incluye oligómeros lineales o circulares de monómeros o enlaces naturales y/o modificados, que incluyen desoxirribonucleósidos, ribonucleósidos, formas sustituidas y alfa-anómeras de los mismos, ácidos nucleicos peptídicos (PNA), ácidos nucleicos bloqueados (LNA), fosforotioato, metilfosfonato y similares. Los oligonucleótidos son capaces de unirse específicamente a un polinucleótido diana por medio de un patrón regular de interacciones monómero a monómero, tales como tipo de apareamiento de bases de Watson-Crick, tipos de apareamiento de bases de Hoögsteen o Hoögsteen inversa, o similares.

15 El oligonucleótido puede ser "quimérico", es decir, estar compuesto de diferentes regiones. En el contexto de esta divulgación los compuestos "quiméricos" son oligonucleótidos, que contienen dos o más regiones químicas, por ejemplo, una o más regiones de ADN, una o más regiones de ARN, una o más regiones de PNA, etc. Cada región química está compuesta por al menos una unidad monomérica, es decir, un nucleótido en el caso de un compuesto de oligonucleótidos. Estos oligonucleótidos normalmente comprenden al menos una región donde el oligonucleótido se modifica con el fin de presentar una o más propiedades deseadas. Las propiedades deseadas del oligonucleótido incluyen, aunque sin limitarse a, por ejemplo, resistencia a la degradación por nucleasas incrementada, captación celular incrementada y/o afinidad de unión por el ácido nucleico diana incrementada. Las diferentes regiones del oligonucleótido pueden, por lo tanto, tener diferentes propiedades. Los oligonucleótidos quiméricos de la presente divulgación pueden formarse como estructuras mixtas de dos o más oligonucleótidos, oligonucleótidos modificados, oligonucleósidos y/o análogos de oligonucleótido, tal como se ha descrito anteriormente.

20 El oligonucleótido puede estar compuesto de regiones que pueden enlazarse en "registro", es decir, cuando los monómeros se enlazan consecutivamente, como en ADN nativo, o se enlazan mediante espaciadores. Se pretende que los espaciadores constituyan un "puente" covalente entre las regiones y tengan, en casos preferidos, una longitud que no supere aproximadamente los 100 átomos de carbono. Los espaciadores pueden portar diferentes funcionalidades, por ejemplo, tener carga positiva o negativa, portar propiedades de unión a ácido nucleico especiales (intercaladores, ligantes de surcos, toxinas, fluoróforos, etc.), ser lipófilos, inducir estructuras secundarias especiales como, por ejemplo, péptidos que contienen alanina que inducen hélices alfa.

35 Tal como se usa en el presente documento, "factores de reprogramación" y "factor de reprogramación" son incluyentes de todos los miembros de la familia, mutantes, alelos, fragmentos, especies, secuencias codificantes y no codificantes, cadenas de polinucleótido sentido y antisentido, etc.

40 Tal como se usa en el presente documento, las palabras SOX2, Sox-2, ANOP3, MCOPS3, MGC2413 y factor de transcripción SOX-2 se usan indistintamente en la presente solicitud.

45 Tal como se usa en el presente documento, las palabras KLF4, factor 4 Kruppel-like (intestino), proteína epitelial con "dedos de zinc", EZF, GKLF, Gut-enriched krueppel-like factor, factor 4 Kruppel-like se usan indistintamente en la presente solicitud.

50 Como se usa en el presente documento, las palabras POU5F1, Oct-3, Oct-3/4, Oct-4, factor 3 de transcripción de unión a octámeros, factor 4 de transcripción de unión a octámeros, OTF3, OTF4, dominio 'POU de clase 5, factor de transcripción 1', POU5F1, POU clase 5 homeobox 1, DADB-104B20.2 y MGC22487 se consideran los mismos en la bibliografía y se usan indistintamente en la presente solicitud.

55 Tal como se usa en el presente documento, la expresión "oligonucleótido específico para" u "oligonucleótido que se dirige a" se refiere a un oligonucleótido que tiene una secuencia (i) capaz de formar un complejo estable con una parte del gen elegido como diana, o (ii) capaz de formar un dúplex estable con una parte de un transcrito de ARNm del gen elegido como diana. La estabilidad de los complejos y los dúplex puede determinarse mediante cálculos teóricos y/o ensayos in vitro. Ensayos a modo de ejemplo para determinar la estabilidad de complejos y dúplex de hibridación se describen en los ejemplos más adelante.

60 Tal como se usa en el presente documento, la expresión "ácido nucleico diana" engloba ADN, ARN (que comprende pre-ARNm y ARNm) transcrito a partir de dicho ADN, y también ADNc derivado de dicho ARN, secuencias codificantes, no codificantes, polinucleótidos sentido o antisentido. La hibridación específica de un compuesto

oligomérico con su ácido nucleico diana interfiere en la función normal del ácido nucleico. Esta modulación de la función de un ácido nucleico diana por compuestos, que se hibridan específicamente con él, se denomina generalmente "antisentido". Las funciones de ADN con las que interferirán incluyen, por ejemplo, la replicación y transcripción. Las funciones de ARN con las que interferirán incluyen todas las funciones vitales tales como, por

5 ejemplo, translocación del ARN al sitio de traducción de proteína, traducción de proteína del ARN, splicing del ARN para dar una o más especies de ARNm, y actividad catalítica que puede acoplarse en o facilitarse por el ARN. El efecto global de dicha interferencia con las funciones del ácido nucleico diana es la modulación de la expresión de un producto codificado u oligonucleótidos.

10 La interferencia de ARN "iARN" está mediada por moléculas de ARN bicatenario (dsARN) que tienen homología específica de secuencia con sus secuencias de ácido nucleico «diana» (Caplen, N. J., et al. (2001) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98: 9742-9747). En ciertos casos de la presente divulgación, los mediadores son dúplex de ARN "interferente pequeño" (siRNA) de 5-25 nucleótidos. Los siRNA se derivan del procesamiento de dsARN mediante una enzima ARNasa conocida como Dicer (Bernstein, E., et al. (2001) Nature 409:363-366). Los productos dúplex

15 de siRNA se emplean en un complejo de siRNA multiproteína llamado RISC (Complejo Silenciador Inducido por ARN). Sin desear ceñirse a ninguna teoría particular, se cree entonces que un RISC es guiado a un ácido nucleico diana (adecuadamente ARNm), en el que el dúplex de siARN interactúa de una forma específica de secuencia para mediar en la escisión en un modo catalítico (Bernstein, E., et al. (2001) Nature 409:363-366; Boutla, A., et al. (2001) Curr. Biol. 11:1776-1780). Los ARN de interferencia pequeños que pueden usarse de acuerdo con la presente divulgación pueden sintetizarse y usarse de acuerdo con procedimientos que son bien conocidos en la técnica y que serán familiares para el experto en la materia. Los ARN de interferencia pequeños para su uso en los procedimientos de la presente divulgación comprenden adecuadamente entre aproximadamente 1 y aproximadamente 50 nucleótidos (nt). En los ejemplos de aspectos no limitantes, los siRNA pueden comprender aproximadamente 5 a aproximadamente 40 nt, aproximadamente 5 a aproximadamente 30 nt, aproximadamente 10 a aproximadamente 30 nt, aproximadamente 15 a aproximadamente 25 nt, o aproximadamente 20-25 nucleótidos.

La selección de los oligonucleótidos apropiados se facilita usando programas informáticos que alinean automáticamente secuencias de ácido nucleico e indican regiones de identidad u homología. Dichos programas se usan para comparar secuencias de ácidos nucleicos obtenidas, por ejemplo, buscando en bases de datos tales como GenBank o secuenciando productos de PCR. La comparación de secuencias de ácidos nucleicos de un intervalo de especies permite la selección de secuencias de ácidos nucleicos que muestran un grado de identidad apropiado entre especies. En el caso de genes que no han sido secuenciados, se realizan Southern blots para permitir una determinación del grado de identidad entre genes en especies diana y otras especies. Realizando Southern blots a grados de astringencia variables, tal como es muy conocido en la técnica, es posible obtener una medida aproximada de la identidad. Estos procedimientos permiten la selección de oligonucleótidos que muestran un alto grado de complementariedad con secuencias de ácido nucleico diana en un sujeto a controlar y un menor grado de complementariedad con secuencias de ácido nucleico correspondientes en otras especies. Un experto en la materia se dará cuenta de que hay libertad considerable en la selección de regiones apropiadas de genes para su uso en la presente divulgación.

40 Por "ARN enzimático" se indica una molécula de ARN con actividad enzimática (Cech, (1988) J. American. Med. Assoc. 260, 3030-3035). Los ácidos nucleicos enzimáticos (ribozimas) actúan uniéndose primero a un ARN diana. Dicha unión se produce a través de la parte de unión diana de un ácido nucleico enzimático que se mantiene en estrecha proximidad a una parte enzimática de la molécula que actúa para escindir el ARN diana. De este modo, el ácido nucleico enzimático reconoce primero y luego se une a ARN diana mediante apareamiento de bases, y una vez unido al sitio correcto, actúa enzimáticamente para cortar el ARN diana.

50 Por "ARN señuelo" se indica una molécula de ARN que imita el dominio de unión natural para un ligando. El ARN señuelo compite, por lo tanto, con la diana de unión natural para la unión de un ligando específico. Por ejemplo, se ha mostrado que la sobreexpresión de ARN de respuesta de activación en trans (TAR) de HIV puede actuar como un "señuelo" y se une de forma eficiente a la proteína tat de HIV, impidiendo de este modo que se una a secuencias TAR codificadas por el ARN de HIV (Sullenger et al. (1990) Cell, 63, 601- 608). Esto se indica que es un ejemplo específico. Los expertos en la materia reconocerán que esto es solo un ejemplo, y fácilmente pueden generarse otros aspectos usando técnicas generalmente conocidas en la técnica.

55 Tal como se usa en el presente documento, el término "monómeros" normalmente indica monómeros enlazados por enlaces fosfodiéster o análogos de los mismos para formar oligonucleótidos que varían en tamaño entre unas pocas unidades monoméricas, por ejemplo, entre aproximadamente 3-4, y aproximadamente varios cientos de unidades monoméricas. Los análogos de enlaces fosfodiéster incluyen: fosforotioato, fosforoditioato, metilfosfonatos, fosforoselenoato, fosforamidoato y similares, tal como se describe más completamente más adelante.

El término "nucleótido" cubre nucleótidos de origen natural, así como nucleótidos no de origen natural. Debe ser evidente para el experto en la materia que diversos nucleótidos que se consideraron anteriormente "no de origen natural" se han descubierto posteriormente en la naturaleza. De este modo, "nucleótidos" incluye no solamente las moléculas que contienen heterociclos de purina y pirimidina conocidas, sino también análogos heterocíclicos y tautómeros de las mismas. Ejemplos ilustrativos de otros tipos de nucleótidos son moléculas que contienen adenina, guanina, timina, citosina, uracilo, purina, xantina, diaminopurina, 8-oxo- N6-metiladenina, 7-deazaxantina, 7-deazaguanina, N4,N4-etanocitosina, N6,N6-etano-2,6- diaminopurina, 5-metilcitosina, 5-alquilil(C3-C6)-citosina, 5-fluorouracilo, 5-bromouracilo, seudoisocitosina, 2-hidroxi-5-metil-4-triazolopiridina, isocitosina, isoguanina, inosina y los nucleótidos "no de origen natural" descritos en Benner et al., patente de EE.UU. N.º 5,432,272. El término "nucleótido" pretende cubrir todos y cada uno de estos ejemplos, además de análogos y tautómeros de los mismos. Nucleótidos especialmente interesantes son aquellos que contienen adenina, guanina, timina, citosina y uracilo, que se consideran como los nucleótidos de origen natural en relación con la aplicación terapéutica y diagnóstica en seres humanos. Los nucleótidos incluyen los azúcares naturales 2'-desoxi y 2'-hidroxilo, por ejemplo, como se describe en Komberg y Baker, DNA Replication, 2ª ed. (Freeman, San Francisco, 1992) además de sus análogos.

"Análogos", en referencia a nucleótidos, incluye nucleótidos sintéticos que tienen restos de bases modificados y/o restos de azúcar modificados (véase, por ejemplo, descrito generalmente por Scheit, Nucleotide Analogs, John Wiley, New York, 1980; Freier & Altman, (1997) Nucl. Acid. Res., 25(22), 4429- 4443; Toulmé, J.J., (2001) Nature Biotechnology 19:17-18; Manoharan M., (1999) Biochemica et Biophysica Acta 1489:117-139; Freier S. M., (1997) Nucleic Acid Research, 25:4429-4443; Uhlman, E., (2000) Drug Discovery & Development, 3: 203-213; Herdewin P., (2000) Antisense & Nucleic Acid Drug Dev., 10:297-310); 2'-O, 3'-C-enlazados [3.2.0] biciclorabinonucleósidos (véase, por ejemplo, N.K Christensen., et al., (1998) J. Am. Chem. Soc., 120: 5458-5463; Prakash TP, Bhat B. (2007) Curr Top Med Chem. 7(7):641-9; Cho EJ, et al. (2009) Annual Review of Analytical Chemistry, 2, 241-264). Dichos análogos incluyen nucleótidos sintéticos diseñados para potenciar propiedades de unión, por ejemplo, la estabilidad especificidad del dúplex o el tríplex, o similares.

Tal como se usa en el presente documento, "hibridación" significa el apareamiento de cadenas sustancialmente complementarias de compuestos oligoméricos. Un mecanismo de apareamiento implica la formación de puentes de hidrógeno, que pueden ser puentes de hidrógeno de Watson-Crick, Hoogsteen o de Hoogsteen inverso, entre bases de nucleósidos o de nucleótidos (nucleótidos) complementarias de las cadenas de compuestos oligoméricos. Por ejemplo, la adenina y la timina son nucleótidos complementarios que se aparean mediante la formación de puentes de hidrógeno. La hibridación puede producirse en circunstancias variables.

Un compuesto antisentido es "específicamente hibridable" cuando la unión del compuesto al ácido nucleico diana interfiere en la función normal del ácido nucleico diana para causar una modulación de la función y/o la actividad, y existe un grado de complementariedad suficiente para evitar unión inespecífica del compuesto antisentido a secuencias de ácido nucleico no diana en condiciones en las que se desea unión específica, es decir, en condiciones fisiológicas en el caso de ensayos in vivo o tratamiento terapéutico, y en condiciones en las que se realizan ensayos en el caso de ensayos in vitro.

Tal como se usa en el presente documento, la frase "condiciones de hibridación astringentes" o "condiciones astringentes" se refiere a condiciones en las que un compuesto de la divulgación hibridará con su secuencia diana, pero con un número mínimo de otras secuencias. Las condiciones astringentes son dependientes de secuencia y serán diferentes en diferentes circunstancias y en el contexto de esta divulgación, "condiciones astringentes" en las que compuestos oligoméricos hibridan con una secuencia diana se determinan mediante la naturaleza y la composición de los compuestos oligoméricos y los ensayos en los que están siendo investigados. En general, las condiciones de hibridación astringentes comprenden bajas concentraciones (<0,15 M) de sales con cationes inorgánicas tales como Na<sup>++</sup> o K<sup>++</sup> (es decir, baja fuerza iónica), temperatura superior a 20 °C-25 °C por debajo de la T<sub>m</sub> del complejo de compuesto oligomérico: secuencia diana, y la presencia de desnaturalizantes tales como formamida, dimetilformamida, dimetilsulfóxido, o el detergente dodecilsulfato de sodio (SDS). Por ejemplo, la tasa de hibridación disminuye un 1,1 % por cada 1 % de formamida. Un ejemplo de una condición de hibridación de alta astringencia es 0,1X tampón cloruro sódico-citrato sódico (SSC)/0,1 % (peso/volumen) de SDS a 60 °C durante 30 minutos.

"Complementario", tal como se usa en el presente documento, se refiere a la capacidad de apareamiento preciso entre dos nucleótidos en una o dos cadenas oligoméricas. Por ejemplo, si una nucleobase en cierta posición de un compuesto antisentido es capaz de formar puentes de hidrógeno con una nucleobase en cierta posición de un ácido nucleico diana, siendo dicho ácido nucleico diana un ADN, ARN, o molécula de oligonucleótido, entonces la posición de la formación de puentes de hidrógeno entre el oligonucleótido y se considera que el ácido nucleico diana es una

posición complementaria. El compuesto oligomérico y el ADN, ARN, o molécula de oligonucleótido, adicional son complementarios entre sí cuando un número suficiente de posiciones complementarias en cada molécula están ocupadas por nucleótidos que pueden formar puentes de hidrógeno entre sí. De este modo, "específicamente hibridable" y "complementariedad" son expresiones que se usan para indicar un grado suficiente de apareamiento preciso o complementariedad sobre un número suficiente de nucleótidos de modo que se produzca unión estable y específica entre el compuesto oligomérico y un ácido nucleico diana.

Se entiende en la técnica que no es necesario que la secuencia de un compuesto oligomérico sea un 100 % complementaria a la de su ácido nucleico diana para ser específicamente hibridable. Además, un oligonucleótido puede hibridarse sobre uno o más segmentos, de modo que segmentos intermedios o adyacentes no estén implicados en el acontecimiento de hibridación (por ejemplo, una estructura en bucle, desapareamiento o estructura de horquilla). Los compuestos oligoméricos de la presente divulgación comprenden al menos aproximadamente el 70 %, o al menos aproximadamente el 75 %, o al menos aproximadamente el 80 %, o al menos aproximadamente el 85 %, o al menos aproximadamente el 90 %, o al menos aproximadamente el 95 %, o al menos aproximadamente el 99 %, de complementariedad de secuencia con una región diana dentro de la secuencia de ácidos nucleicos diana a la que se dirigen. Por ejemplo, un compuesto antisentido en el que 18 de los 20 nucleótidos del compuesto antisentido son complementarios a una región diana y, por lo tanto, hibridarían específicamente, representaría el 90 por ciento de complementariedad. En este ejemplo, los nucleótidos no complementarios restantes pueden agruparse o intercalarse con nucleótidos complementarios y no necesitan ser contiguos entre sí o a nucleótidos complementarios. Por lo tanto, un compuesto antisentido que tiene 18 nucleótidos de longitud que tiene 4 (cuatro) nucleótidos no complementarios que están flanqueados por dos regiones de complementariedad completa con el ácido nucleico diana tendría el 77,8% de complementariedad global con el ácido nucleico diana y de este modo estaría dentro del alcance de la presente divulgación. El porcentaje de complementariedad de un compuesto antisentido con una región de un ácido nucleico diana puede determinarse rutinariamente usando programas BLAST (herramientas de búsqueda de alineamientos locales básicos) y programas PowerBLAST conocidos en la técnica (Altschul et al., (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410; Zhang y Madden, (1997) *Genome Res.*, 7, 649-656). El porcentaje de homología, la identidad o complementariedad de secuencias pueden determinarse por, por ejemplo, mediante el programa Gap (Wisconsin Sequence Analysis Package, Versión 8 para Unix, Genetics Computer Group, University Research Park, Madison Wis.), usando parámetros por defecto, que usa el algoritmo de Smith y Waterman (*Adv. Appl. Math.*, (1981) 2, 482-489).

Tal como se usa en el presente documento, la expresión "punto de fusión térmico (Tm)" se refiere a la temperatura, bajo fuerza iónica, pH y concentración de ácido nucleico definidas, a la que el 50% de los oligonucleótidos complementarios a la secuencia diana hibridan con la secuencia diana en equilibrio. Normalmente, condiciones astringentes serán aquellas en las que la concentración de sales es la concentración de ion Na (u otras sales) de al menos aproximadamente 0,01 a 1,0 M a pH de 7,0 a 8,3 y la temperatura es al menos aproximadamente 30°C para oligonucleótidos cortos (por ejemplo, de 10 a 50 nucleótidos). También pueden lograrse condiciones astringentes con la adición de agentes desestabilizantes tales como formamida.

Tal como se usa en el presente documento, "modulación" significa un incremento (estimulación) o una disminución (inhibición) de la expresión de un gen.

El término "variante", cuando se usa en el contexto de una secuencia de polinucleótidos, puede englobar una secuencia de polinucleótidos relacionada con un gen de tipo silvestre. Esta definición también puede comprender, por ejemplo, variantes "alélicas", de "splicing", de "especie" o "polimórficas". Una variante de splicing puede tener identidad significativa con una molécula de referencia, pero generalmente tendrá un mayor o menor número de polinucleótidos debido al splicing alterno de exones durante el procesamiento de ARNm. El polipéptido correspondiente puede poseer dominios funcionales adicionales o una ausencia de dominios. Las variantes de especie son secuencias de polinucleótidos que varían de una especie a otra. Son de particular utilidad en la divulgación variantes de productos génicos de tipo silvestre (wild type). Las variantes pueden resultar de al menos una mutación en la secuencia de ácidos nucleicos y pueden producir ARNm alterados o polipéptidos cuya estructura o función puede o puede no alterarse. Cualquier gen natural o recombinante dado puede tener ninguna, una o muchas formas alélicas. Cambios mutacionales comunes que dan lugar a variantes se atribuyen generalmente a deleciones, adiciones o sustituciones naturales de nucleótidos. Cada uno de estos tipos de cambios puede producirse solo, o en combinación con los otros, una o más veces en una secuencia dada.

Los polipéptidos resultantes generalmente tendrán identidad significativa de aminoácidos los unos con respecto a los otros. Una variante polimórfica es una variación en la secuencia de polinucleótidos de un gen particular entre individuos de una especie dada. Las variantes polimórficas también pueden englobar "polimorfismos de un solo nucleótido" (SNP), o mutaciones de una sola base en las que la secuencia de polinucleótidos varía en una base. La



presencia de SNP puede ser indicativa de, por ejemplo, una cierta población con una propensión por una patología, es decir susceptibilidad frente a resistencia.

5 Los polinucleótidos derivados incluyen ácidos nucleicos sometidos a modificación química, por ejemplo, sustitución de hidrógeno por un grupo alquilo, acilo o amino. Los derivados, por ejemplo, oligonucleótidos derivados, pueden comprender partes no de origen natural, tales como restos de azúcar alterados o enlaces inter-azúcar. A modo de ejemplo, entre éstos están fosforotioato y otras especies que contienen azufre que se conocen en la técnica. Los ácidos nucleicos derivados también pueden contener etiquetas, que incluyen radionucleótidos, enzimas, agentes fluorescentes, agentes quimioluminiscentes, agentes cromógenos, sustratos, cofactores, inhibidores, partículas magnéticas y similares.

10 Un polipéptido o péptido "derivado" es uno que se modifica, por ejemplo, por glucosilación, pegilación, fosforilación, sulfatación, reducción/alquilación, acilación, acoplamiento químico o tratamiento suave con formalina. Un derivado también puede modificarse para contener una etiqueta detectable, tanto directa como indirectamente, que incluye, aunque no se limita a, un radioisótopo, etiqueta fluorescente y enzimática.

15 Tal como se usa en el presente documento, el término "animal" o "paciente" pretende comprender, por ejemplo, seres humanos, ovejas, alces, venados, ciervos mulos, visones, mamíferos, monos, caballos, ganado vacuno, cerdos, cabras, perros, gatos, ratas, ratones, aves, pollo, reptiles, peces, insectos y arácnidos.

20 "Mamífero" cubre mamíferos de sangre caliente que normalmente están bajo atención médica (por ejemplo, seres humanos y animales domesticados). Los ejemplos incluyen felinos, caninos, equinos, bovinos y humanos, además de solo humanos.

25 "Tratar" o "tratamiento" cubre el tratamiento de una patología en un mamífero, e incluye: (a) prevenir que se produzca la patología en un mamífero, en particular, cuando dicho mamífero tiene predisposición a la patología, pero todavía no se ha diagnosticado que la tenga; (b) inhibir la patología, por ejemplo, detener el desarrollo; y/o (c) aliviar la patología, por ejemplo, causando la regresión de la patología hasta que se alcance un criterio de valoración deseado. Tratar también incluye la mejora de un síntoma de una enfermedad (por ejemplo, reducir el dolor o molestia), donde dicha mejora puede o puede no afectar directamente la enfermedad (por ejemplo, causa, transmisión, expresión, etc.).

30 Tal como se usa en el presente documento, "cáncer" se refiere a todos los tipos de cáncer o neoplasia o tumores malignos en mamíferos, incluyendo, pero sin limitarse a: leucemias, linfomas, melanomas, carcinomas y sarcomas. El propio cáncer se manifiesta como un "tumor" o tejido que comprende células malignas del cáncer. Los ejemplos de tumores incluyen sarcomas y carcinomas como tales, pero no limitado a: fibrosarcoma, mixosarcoma, liposarcoma, condrosarcoma, sarcoma osteogénico, cordoma, angiosarcoma, endoteliosarcoma, linfangiosarcoma, linfangioendoteliosarcoma, sinovioma, mesotelioma, tumor de Ewing, leiomisarcoma, rbdomiosarcoma, carcinoma de colon, cáncer pancreático, cáncer de mama, cáncer ovárico, cáncer de próstata, carcinoma de células escamosas, carcinoma de células basales, adenocarcinoma, carcinoma de glándula sudorípara, carcinoma de glándula sebácea, carcinoma papilar, adenocarcinomas papilares, cistadenocarcinoma, carcinoma medular, carcinoma broncogénico, carcinoma de células renales, hepatoma, carcinoma de conductos biliares, coriocarcinoma, seminoma, carcinoma embrional, tumor de Wilms, cáncer cervical, tumor testicular, carcinoma de pulmón, carcinoma de pulmón de células pequeñas, carcinoma de vejiga, carcinoma epitelial, glioma, astrocitoma, meduloblastoma, craneofaringioma, ependimoma, pinealoma, hemangioblastoma, neuroma acústico, oligodendroglioma, meningioma, melanoma, neuroblastoma, y retinoblastoma. Los cánceres adicionales que se pueden tratar para la composición descrita de acuerdo a la divulgación incluyen, pero no se limitan a, por ejemplo, enfermedad de Hodgkin, linfoma no Hodgkin, mieloma múltiple, neuroblastoma, cáncer de mama, cáncer ovárico, cáncer de pulmón, rbdomiosarcoma, trombocitosis primaria, macroglobulinemia primario, tumores de pulmón de células pequeñas, tumores primarios de cerebro, cáncer de estómago, cáncer de colon, insulinooma pancreático maligno, carcinoma maligno, cáncer de vejiga urinaria, lesiones premalignas cutáneas, cáncer testicular, linfomas, cáncer de tiroides, neuroblastoma, cáncer esofágico, cáncer de tracto genitourinario, hipercalcemia maligna, cáncer cervical, cáncer endometrial, cáncer cortical adrenal, y cáncer de próstata.

45 "Enfermedad o trastorno neurológico" se refiere a cualquier enfermedad o trastorno del sistema nervioso y/o sistema visual. "Enfermedad o trastorno neurológico" incluye enfermedades o trastornos que implican al sistema nervioso central (cerebro, tronco del encéfalo y cerebelo), el sistema nervioso periférico (incluyendo los nervios craneales), y el sistema nervioso autónomo (partes del cual están ubicadas en el sistema nervioso tanto central como periférico). Los ejemplos de trastornos neurológicos incluyen, aunque sin limitarse a, cefalea, estupor y coma, demencia, convulsiones, trastornos del sueño, traumatismo, infecciones, neoplasias, neurooftalmología, trastornos del

movimiento, enfermedades desmielinizantes, trastornos de la médula espinal, y trastornos de los nervios periféricos, el músculo y las uniones neuromusculares. La adicción y la enfermedad mental, incluyen, aunque sin limitarse a, trastorno bipolar y esquizofrenia, se incluyen también en la definición de trastorno neurológico. La siguiente es una lista de varios trastornos, síntomas, signos y síndromes neurológicos que pueden ser tratados usando las composiciones y procedimientos de acuerdo con la presente divulgación: afasia adquirida epileptiforme; encefalomiелitis diseminada aguda; adrenoleucodistrofia; degeneración macular relacionada con la edad; agenesia del cuerpo caloso; agnosia; síndrome de Aicardi; enfermedad de Alexander; enfermedad de Alpers; hemiplejía alterna; demencia vascular; esclerosis lateral amiotrófica; anencefalia; síndrome de Angelman; angiomatosis; anoxemia; afasia; apraxia; quistes aracnoideos; aracnoiditis; malformación de Chiari Anronl; malformación arteriovenosa; síndrome de Asperger; ataxia telangiectasia; trastorno de hiperactividad y déficit de atención; autismo; disfunción autónoma; dolor de espalda; enfermedad de Batten; enfermedad de Behcet; parálisis de Bell; blefaroespasmos esencial benigno; focal benigna; amiotrofia; hipertensión intracraneal benigna; enfermedad de Binswanger; blefaroespasmos; síndrome de Bloch Sulzberger; lesión del plexo braquial; absceso cerebral; lesión cerebral; tumores cerebrales (incluyendo glioblastoma multiforme); tumor medular; síndrome de Brown-Sequard; enfermedad de Canavan; síndrome del túnel carpiano; causalgia; síndrome de dolor central; mielínólisis pontina central; trastorno encefálico; aneurisma cerebral; arteriosclerosis cerebral; atrofia cerebral; gigantismo cerebral; parálisis cerebral; enfermedad de Charcot-Marie-Tooth; neuropatía inducida por quimioterapia y dolor neuropático; malformación de Chiari; corea; polineuropatía desmielinizante inflamatoria crónica; dolor crónico; síndrome de dolor crónico regional; síndrome de Coffin Lowry; coma, incluyendo estado vegetativo persistente; diplejía facial congénita; degeneración corticobasal; arteritis craneal; craneosinostosis; enfermedad de Creutzfeldt-Jakob; trastornos por traumatismo acumulativo; síndrome de Cushing; enfermedad de cuerpos de inclusión citomegálicos; infección por citomegalovirus; síndrome de ojos danzantes y pies danzantes; síndrome DandyWalker; enfermedad de Dawson; síndrome de Morsier; parálisis de Dejerine-Klumke; demencia; dermatomiositis; neuropatía diabética; esclerosis difusa; disautonomía; disgrafía; dislexia; distonías; encefalopatía epiléptica infantil temprana; síndrome de la silla vacía; encefalitis; encefalocelos; angiomatosis encefalotrigeminal; epilepsia; parálisis de Erb; temblor esencial; enfermedad de Fabry; síndrome de Fahr; desmayo; parálisis espástica familiar; convulsiones febriles; síndrome de Fisher; ataxia de Friedreich; demencia fronto-temporal y otras "tauopatías"; enfermedad de Gaucher; síndrome de Gerstmann; arteritis de células gigantes; enfermedad de inclusión de células gigantes; leucodistrofia de células globosas; síndrome de Guillain-Barré; mielopatía asociada HTLV-1; enfermedad Hallervorden-Spatz; traumatismo craneoencefálico; cefalea; espasmo hemifacial; paraplejía espástica hereditaria; heredopatía atáctica polineuríticoformе; herpes zóster ótico; herpes zóster; síndrome de Hirayama; demencia y neuropatía asociadas a HIV (también manifestaciones neurológicas del SIDA); holoprosencefalia; enfermedad de Huntington y otras enfermedades de repetición de poliglutamina; hidranencefalia; hidrocefalia; hipercortisolismo; hipoxia; encefalomiелitis mediada por inmunidad; miositis por cuerpos de inclusión; incontinencia pigmentaria; enfermedad de almacenamiento de ácido fitánico infantil; enfermedad de Refsum infantil; espasmos infantiles; miopatía inflamatoria; quiste intracraneal; hipertensión intracraneal; síndrome de Joubert; síndrome de Kearns-Sayre; enfermedad de Kennedy; síndrome de Kinsbourne; síndrome de Klippel Feil; enfermedad de Krabbe; enfermedad Kugelberg-Welander; kuru; enfermedad de Lafora; síndrome miasténico de Lambert-Eaton; síndrome de Landau-Kleffner; síndrome lateral medular (Wallenberg); dificultades de aprendizaje; enfermedad de Leigh; síndrome de Lennox-Gustaut; síndrome de Lesch-Nyhan; leucodistrofia; demencia con cuerpos de Lewy; lisencefalia; síndrome de enclaustramiento; enfermedad de Lou Gehrig (es decir, enfermedad de las neuronas motoras o esclerosis lateral amiotrófica); enfermedad del disco lumbar; secuelas neurológicas de la enfermedad de Lyme; enfermedad de Machado-Joseph; macrocefalia; megalocéfalia; síndrome de Melkelsson-Rosenthal; enfermedad de Meniere; meningitis; enfermedad de Menkes; leucodistrofia metacromática; microcefalia; migraña; síndrome de Miller Fisher; mini derrames; miopatías mitocondriales; síndrome de Moebius; amiotrofia monomérica; enfermedad de las neuronas motoras; enfermedad de Moyamoya; mucopolisacaridosis; demencia multiinfarto; neuropatía motora multifocal; esclerosis múltiple y otras enfermedades desmielinizantes; atrofia de múltiples sistemas con hipotensión postural; distrofia muscular; miastenia grave; esclerosis difusa mielínoclastica; encefalopatía mioclónica de los lactantes; mioclonía; miopatía; miotonía congénita; narcolepsia; neurofibromatosis; síndrome neuroléptico maligno; manifestaciones neurológicas del SIDA; secuelas neurológicas del lupus; neuromiotonía; lipofuscinosis cerioidea; trastornos de la migración neuronal; enfermedad de Niemann-Pick; síndrome de McLeod- O'Sullivan; neuralgia occipital; secuencia de espina bífida oculta; síndrome Ohtahara; atrofia olivopontocerebelosa; opsoclonomioclono; neuritis óptica; hipotensión ortostática; síndrome de sobreuso; parestesia; enfermedad o trastorno neurodegenerativo (enfermedad de Parkinson, enfermedad de Huntington, enfermedad de Alzheimer, esclerosis lateral amiotrófica (ALS), demencia, esclerosis múltiple y otras enfermedades y trastornos asociados con la muerte celular neuronal); paramiotonía congénita; enfermedades paraneoplásicas; ataques paroxísticos; síndrome de Parry Romberg; enfermedad de Pelizaeus-Merzbacher; parálisis periódicas; neuropatía periférica; neuropatía dolorosa y dolor neuropático; estado vegetativo persistente; trastornos profundos del desarrollo; reflejo de estornudo fótico; enfermedad de almacenamiento de ácido fitánico; enfermedad de Pick; nervio pinzado; tumores de la hipófisis; polimiositis; porencefalia; síndrome post-polio; neuralgia postherpética; encefalomiелitis postinfecciosa; hipotensión

5 postural; síndrome de Prader-Willi; esclerosis lateral primaria; enfermedades priónicas; atrofia hemifacial progresiva; leucoencefalopatía multifocal progresiva; poliodistrofia esclerosante progresiva; parálisis supranuclear progresiva; seudotumor cerebral; síndrome de Ramsay-Hunt (tipos I y 11); encefalitis de Rasmussen; síndrome de distrofia simpática refleja; enfermedad de Refsum; trastornos por movimientos repetitivos; lesiones por esfuerzo repetitivo; 5 síndrome de piernas inquietas; mielopatía asociada a retrovirus; síndrome de Rett; síndrome de Reye; baile de San Vito; enfermedad de Sandhoff; enfermedad de Schilder; esquizencefalia; displasia septo-óptica; síndrome del bebé zarandeado; herpes; síndrome de Shy-Drager; síndrome de Sjogren; apnea del sueño; síndrome de Soto; espasticidad; espina bífida; lesión de la médula espinal; tumores de la médula espinal; atrofia muscular en la columna; síndrome de la persona rígida; accidente cerebrovascular; síndrome de Sturge-Weber; panencefalitis 10 esclerosante subaguda; encefalopatía arteriosclerótica subcortical; corea de Sydenham; síncope; siringomielia; discinesia tardía; enfermedad de Tay-Sachs; arteritis temporal; síndrome de médula espinal anclada; enfermedad de Thomsen; síndrome del opérculo torácico; Tic Douloureux; parálisis de Todd; Síndrome de Tourette; ataque isquémico transitorio; encefalopatías espongiiformes transmisibles; mielitis transversa; lesión cerebral traumática; temblor; neuralgia trigeminal; paraparesia espástica tropical; esclerosis tuberosa; demencia vascular (demencia multiinfarto); vasculitis incluyendo arteritis temporal; enfermedad de Von Hippel-Lindau; síndrome de Wallenberg; 15 enfermedad de Werdnig-Hoffman; síndrome de West; latigazo cervical; síndrome de Williams; enfermedad de Wildon; y síndrome de Zellweger.

20 Una "inflamación" se refiere a las condiciones inflamatorias sistémicas y condiciones asociadas con la migración a nivel local y la atracción de monocitos, leucocitos y/o neutrófilos. Ejemplos de la inflamación incluyen, pero no se limitan a, inflamación resultante de la infección con microorganismos patógenos (incluyendo bacterias gram-positivas y gram-negativas, virus, hongos y parásitos como protozoos y helmintos), rechazo al trasplante (incluido el rechazo a órganos sólidos como riñón, hígado, corazón, pulmón o córnea, así como rechazo a los trasplantes de médula ósea incluyendo enfermedad injerto-contra-huésped (EICH), o por reacciones alérgicas autoinmunitarias localizadas 25 agudas o crónicas. Las enfermedades autoinmunitarias incluyen glomerulonefritis aguda; artritis reumatoide o reactiva; glomerulonefritis crónica; enfermedades inflamatorias del intestino como la enfermedad de Crohn, colitis ulcerativa y enterocolitis necrotizante; síndromes asociados a transfusión de granulocitos; dermatosis inflamatoria como dermatitis por contacto, dermatitis atópica, psoriasis; lupus eritematoso sistémico (LES), tiroiditis autoinmunitaria, esclerosis múltiple, y algunas formas de diabetes, u otro estado autoinmunitario donde el ataque del propio sistema inmunitario del sujeto resulte en destrucción patológica del tejido. Las reacciones alérgicas incluyen 30 asma alérgico, bronquitis crónica, hipersensibilidad aguda y retrasada. Estados de enfermedad inflamatoria sistémica incluyen inflamación asociada con trauma, quemaduras, reperfusión tras eventos isquémicos (por ejemplo, eventos trombóticos en el corazón, el cerebro, el intestino o los vasos periféricos, incluyendo infarto de miocardio e ictus), sepsis, síndrome de dificultad respiratoria aguda (SDRA) o síndrome de disfunción orgánica múltiple. El reclutamiento de células inflamatorias también se produce en placas ateroscleróticas. Inflamación incluye, pero sin limitarse a, linfoma no Hodgkin, enfermedad de Wegener, tiroiditis de Hashimoto, carcinoma hepatocelular, atrofia del timo, pancreatitis crónica, artritis reumatoide, osteoartritis, hiperplasia linfoide reactiva, carcinoma papilar, colitis 35 ulcerosa, enfermedad de Crohn, colitis ulcerosa, colecistitis aguda, colecistitis crónica, cirrosis, sialoadenitis crónica, peritonitis, pancreatitis aguda, pancreatitis crónica, gastritis crónica, adenomiosis, endometriosis, cervicitis aguda, cervicitis crónica la hiperplasia linfoide, esclerosis múltiple, hipertrofia secundaria a la púrpura trombocitopénica idiopática, nefropatía por IgA primaria, lupus eritematoso sistémico, soriasis, enfisema pulmonar, pielonefritis crónica y cistitis crónica.

45 Una enfermedad o trastorno cardiovascular incluye aquellos trastornos que pueden causar isquemia o son causados por reperfusión del corazón. Los ejemplos incluyen, aunque sin limitarse a, aterosclerosis, enfermedad de la arteria coronaria, miocarditis granulomatosa, miocarditis crónica (no granulomatosa), cardiomiopatía hipertrófica primaria, enfermedad arterial periférica (PAD), accidente cerebrovascular, angina de pecho, infarto de miocardio, daño tisular cardiovascular provocado por paro cardíaco, daño tisular cardiovascular provocado por bypass cardíaco, choque cardíaco, y afecciones relacionadas que serían conocidas por los expertos en la materia o que implican disfunción 50 de o daño tisular al corazón o la vasculatura, especialmente, aunque sin limitarse a, daño tisular relacionado con una activación del factor de reprogramación. Las enfermedades CVS incluyen, aunque sin limitarse a, aterosclerosis, miocarditis granulomatosa, infarto de miocardio, fibrosis miocárdica secundaria a enfermedad valvular cardíaca, fibrosis miocárdica sin infarto, cardiomiopatía hipertrófica primaria, y miocarditis crónica (no granulomatosa).

55 Una "enfermedad o trastorno metabólico" se refiere a una gran variedad de enfermedades y trastornos en el sistema endocrino que incluye, por ejemplo, resistencia a la insulina, diabetes, obesidad, alteraciones de la tolerancia a la glucosa, niveles altos de colesterol en sangre, hiperglucemia, hiperinsulinemia, dislipidemia e hiperlipidemia.

60 **Composiciones y moléculas de polinucleótidos y oligonucleótidos**

**Dianas**

5 En un aspecto, las dianas comprenden secuencias de ácido nucleico de un factor de reprogramación, incluyendo sin limitación secuencias no codificantes y/o codificantes, sentido y/o antisentido asociadas con de un factor de reprogramación.

En un aspecto, las dianas comprenden secuencias de SOX2, incluyendo sin limitación secuencias no codificantes y/o codificantes, sentido y/o antisentido asociadas con el gen SOX2.

10 En un aspecto, las dianas comprenden secuencias de KLF4, incluyendo sin limitación secuencias no codificantes y/o codificantes, sentido y/o antisentido asociadas con el gen KLF4.

En un aspecto, las dianas comprenden secuencias de POU5F1, incluyendo sin limitación secuencias no codificantes y/o codificantes, sentido y/o antisentido asociadas con el gen POU5F1.

15  
 20  
 25 SRY-box 2 (de sus siglas en inglés Sex determining Region Y-box 2), también conocido como SOX2, es un factor de transcripción esencial en el mantenimiento de la autorrenovación de las células madre embrionarias no diferenciadas. Este gen sin intrones codifica a un miembro de la familia de factores de transcripción HMG-box (SOX) relacionados con SRY involucrados en la regulación del desarrollo embrionario y en la determinación del destino celular. La proteína codificada puede actuar como un activador transcripcional después de formar un complejo de proteína con otras proteínas. Las mutaciones en este gen se han asociado con la anoftalmia bilateral, una forma grave de malformación estructural del ojo. Este gen se encuentra dentro de un intrón de otro gen llamado "SOX2 overlapping transcript" (SOX20T). La expresión ectópica de SOX2 también puede estar relacionada con la diferenciación anormal de las células de cáncer colorrectal. Sox2 es uno de los principales factores de transcripción requeridos en las células madre pluripotentes inducidas.

30  
 35 Una célula madre es una célula relativamente indiferenciada que puede ser inducida a proliferar y que puede producir una progenie que posteriormente se diferencia en uno o más tipos de células maduras, mientras que también conserva una o más células con potencial de desarrollo parental. En muchos aspectos biológicos, las células madre también son multipotentes porque pueden producir progenies de más de un tipo celular diferente. La autorrenovación es la otra parte clásica de la definición de las células madre, y es esencial tal como se usa en el presente documento. En teoría, la autorenovación puede producirse por cualquiera de los dos mecanismos principales. Las células madre pueden dividirse asimétricamente, con una hija que mantiene el estado de célula madre y la otra hija que expresa alguna función y fenotipo específico distinto. Como alternativa, algunas de las células madre de una población pueden dividirse simétricamente en dos células madre, manteniendo así algunas células madre en la población en su conjunto, mientras que otras células de la población solamente dan lugar a progenies diferenciadas. Formalmente, es posible que las células que comienzan como células madre puedan proceder hacia un fenotipo diferenciado, pero luego "revertir" y volver a expresar el fenotipo de células madre.

40  
 45 Las células progenitoras tienen un fenotipo celular que es más primitivo (es decir, está en una etapa más temprana a lo largo de una vía de desarrollo o progresión que una célula completamente diferenciada). A menudo, las células progenitoras también tienen un potencial proliferativo significativo o muy alto. Las células progenitoras pueden dar lugar a múltiples tipos celulares diferenciados distintos o a un único tipo celular diferenciado, dependiendo de la vía de desarrollo y del entorno en el que las células se desarrollan y se diferencian. Al igual que las células madre, es posible que las células que comienzan como células progenitoras puedan proceder hacia un fenotipo diferenciado, pero luego "revertir" y volver a expresar el fenotipo de células progenitoras.

50 En un aspecto preferido, uno o más oligonucleótidos antisentido se unen a un polinucleótido sentido y/o antisentido de uno o más miembros de la familia sox. Los ejemplos de la familia de SOX (HMG-box relacionados con SRY) incluyen, por ejemplo, Sox-1, Sox-2, Sox-3, Sox-4, Sox6, Sox7, Sox8, Sox9, Sox1~Sox11, Sox-13, Sox14, Sox15, Sox18, Sox20, Sox21, Sox30, Sox32 o el factor Sox-11-D de *Xenopus laevis*, o un fragmento funcional de los mismos y un ejemplo preferido incluye Sox2.

55  
 60 El factor 4 Kruppel-like (KLF4) es un factor de transcripción que contiene dedos de cinc, cuya expresión se enriquece en las células postmitóticas del epitelio intestinal. KLF4 es un gen diana del gen supresor de tumores adenomatous polyposis coli (APC). El factor 4 Kruppel-like (KLF4) se expresa en una amplia variedad de tejidos en humanos, incluidos el intestino y la piel, y es importante en muchos procesos fisiológicos diferentes, incluido el desarrollo, la diferenciación y el mantenimiento de la homeostasis tisular normal. KLF4 es un factor de transcripción bifuncional que puede activar o reprimir la transcripción, dependiendo del gen diana, y utilizando diferentes mecanismos. Además, KLF4 puede actuar como oncogén o supresor tumoral dependiendo del tipo de cáncer

involucrado. Conjuntamente con otros tres factores de transcripción, KLF4 puede reprogramar fibroblastos diferenciados en un estado que se asemeje a las células madre embrionarias en todas las formas posibles probadas hasta ahora.

5 Recientemente, se descubrió que la sobreexpresión de KLF4, en combinación con otros tres factores de transcripción, podría transformar los fibroblastos de ratón en un estado parecido a las células madre embrionarias (células madre).

10 En aspectos preferidos, un procedimiento para tratar enfermedades o trastornos asociados con bajos niveles del factor 4 Kruppel-like (KLF4) consiste en administrar a un paciente un oligonucleótido antisentido que aumenta la expresión y/o función del factor 4 Kruppel-like (KLF4).

15 De acuerdo con aspectos de la divulgación, la molécula de ácido nucleico diana se dirige al factor 4 Kruppel-like (KLF4) y se extiende a cualquiera de las isoformas, receptores, familias y similares del factor 4 Kruppel-like (KLF4). Los sinónimos de KLF4 incluyen: Endothelial KruppelLike Zinc Finger Protein (EZF); Gut-Enriched Kruppel-Like Factor (GKLF).

20 En aspectos preferidos, la divulgación contempla todos los aspectos asociados con las moléculas aquí descritas y abarca todos los péptidos, polipéptidos, derivados, variantes del polinucleótido y secuencias de oligonucleótidos de KLF4.

En otro aspecto preferido, la divulgación comprende anticuerpos y aptámeros que pueden generarse para moléculas de KLF4.

25 El factor 4 de transcripción de unión a octámeros (en lo sucesivo en el presente documento "POU5F1") pertenece a la familia POU (Pit-Oct-Unc) de factores de transcripción que se unen al motivo de octámero, un elemento regulador de la transcripción que se encuentra en las regiones promotoras y potenciadoras de muchos genes (Ryan AK, et al. (1997) *Genes Dev*; 11: 1207-1225; Ruvkun G, et al. (1991) *Cell* 64: 475-478). La actividad de unión del ADN de los miembros de la familia POU está mediada por el llamado dominio POU, un dominio de unión del ADN bipartito que  
30 consiste en un dominio específico POU de 75 aminoácidos, una región de enlace y un homeodominio POU de 60 aminoácidos (Herr W, et al., (1995) *Genes Dev* 9: 1679-1693; ExPASy Servidor de proteómica. Disponible en <http://au.expasy.org/uniprot/Q01860> Consultado el 7 de junio de 2006; Scholer HR, et al. (1990) *Nature* 344:435-9.)

35 POU5F1 ha demostrado ser crítico en la inducción y el mantenimiento del estado de células madre pluripotentes. La falta de regulación de la expresión POU5F1 en las células madre embrionarias (ESC) hace que se diferencien y pierdan su pluripotencia. POU5F1 induce y sostiene la pluripotencia en cooperación con otros factores de transcripción como SOX2 y NANOG, y también desempeña un papel fundamental en el desarrollo temprano de los mamíferos. POU5F1 se expresa a niveles bajos en algunas poblaciones de células madre adultas. (Boiani M, (2005) et al. *Nat Rev Mol Cell Biol*. 6:872-84.; Boyer LA, et al. (2005) *Cell*.; 122:947-56.)

40 El gen humano POU5F1 consiste en cinco exones y está localizado en el cromosoma 6 en la región del complejo mayor de histocompatibilidad. El gen codifica dos isoformas, A (POU5F1<sub>iA</sub>, también conocido como OCT-3A) y B (POU5F1<sub>iB</sub>, también conocido como OCT-3B) (Takeda J, et al. (1992) *Nucleic Acids Res* 20: 4613-4620).

45 En algunos aspectos, los oligonucleótidos antisentido POU5F1 promueven la proliferación de células madre.

50 Las células madre pluripotentes inducidas (iPS) pueden obtenerse de fibroblastos de ratón mediante expresión mediada por retrovirus de 4 factores de transcripción, Oct3/4, Sox2, c-Myc y Klf4 y posterior selección para expresión de Fbx15. La selección para expresión NANOG en lugar de Fbx15 produce células iPS con mayor expresión génica embrionaria parecida a células madre y patrones de metilación del ADN. La expresión de los factores de transcripción Oct4, Sox2, c-Myc y Klf4 reprograma un genoma somático de fibroblastos a un estado embrionario pluripotente. Yu et al. OCT4, SOX2, NANOG, LIN28 son suficientes para reprogramar células somáticas humanas en células madre pluripotentes. Las células madre humanas pluripotentes inducidas tienen cariotipos normales, actividad de la telomerasa, marcadores de superficie celular y expresión génica típica de las células madre embrionarias humanas, y pueden diferenciarse en derivados de las 3 capas germinales primarias.

55 En aspectos preferidos, se usan oligonucleótidos antisentido para prevenir o tratar enfermedades o trastornos asociados con miembros de la familia de los factores de reprogramación. Las enfermedades y trastornos mediados por un factor de reprogramación ejemplar que se pueden tratar con células/tejidos regenerados a partir de células madre obtenidas con los compuestos antisentido comprenden: expresión y/o función anormal del factor de

60

reprogramación, cáncer, enfermedad renal, enfermedad o trastorno cardiovascular, inflamación, enfermedad o trastorno neurológico, cicatrización, enfermedades o trastornos oftálmicos (por ejemplo, microftalmia, coloboma, miopía, anoftalmia/microftalmia - síndrome de atresia esofágica, etc.), displasia septoóptica, una enfermedad o trastorno autoinmune, diabetes, aterosclerosis, una enfermedad de inmunodeficiencia, una enfermedad causada por un agente infeccioso (p. ej., incluyendo, una enfermedad vírica, bacteriana, fúngica, protozoaria, etc.), una enfermedad genética (por ejemplo, la distrofia muscular de Duchenne), una enfermedad o trastorno metabólico (por ejemplo, diabetes, obesidad, síndrome metabólico, enfermedad lisosómica, etc.), traumatismos (por ejemplo, lesión de la médula espinal, quemaduras, etc), isquemia, una enfermedad vascular, una enfermedad o trastorno hepático, psoriasis, una enfermedad o trastorno que requiere trasplante de células, tejidos y órganos, un trastorno o afección que requiere terapia con células madre y una enfermedad o trastorno congénito.

En algunos aspectos, la presente divulgación proporciona un procedimiento para preparar una célula madre pluripotente inducida mediante la reprogramación de una célula somática, que comprende la etapa de poner en contacto el factor de reprogramación anteriormente mencionado con la célula somática.

También se proporciona un procedimiento, que comprende la etapa de añadir el mencionado factor de reprogramación a un cultivo de la célula somática; el procedimiento mencionado anteriormente, que comprende la etapa de introducir en la célula somática un gen que codifica el factor de reprogramación mencionado anteriormente; el procedimiento mencionado anteriormente, que comprende la etapa de introducir dicho gen en la célula somática mediante el uso de un vector recombinante que contiene al menos un tipo de gen que codifica el factor de reprogramación mencionado anteriormente; y el procedimiento mencionado anteriormente, donde una célula somática aislada de un paciente se usa como célula somática.

En otro aspecto, la presente divulgación proporciona una célula madre pluripotente inducida y obtenida por el procedimiento mencionado anteriormente. La presente divulgación también proporciona una célula somática derivada mediante la inducción de la diferenciación de la célula madre pluripotente inducida que se ha mencionado anteriormente.

La presente divulgación proporciona además un procedimiento para la terapia de células madre, que comprende la etapa de trasplantar una célula somática, en el que dicha célula se obtiene induciendo la diferenciación de una célula madre pluripotente inducida obtenida por el procedimiento mencionado anteriormente usando una célula somática aislada y recogida de un paciente, en dicho paciente. En un banco de células iPS, se pueden almacenar varios, preferentemente, aproximadamente 200 tipos de células iPS preparadas a partir de células somáticas derivadas de humanos sanos como una biblioteca de células iPS, y se puede usar uno o más tipos de células iPS de la biblioteca para la preparación de células somáticas, tejidos u órganos que no son rechazados por parte de un paciente que va someterse a terapia con células madre.

La presente divulgación proporciona además un procedimiento para evaluar una función fisiológica o toxicidad de un compuesto, un medicamento, un veneno o similares al usar varias células obtenidas mediante la inducción de la diferenciación de una célula madre pluripotente inducida obtenida por el procedimiento mencionado anteriormente.

La presente divulgación también proporciona un procedimiento para mejorar la capacidad de diferenciación y/o crecimiento de una célula, que comprende la etapa de poner en contacto el factor de reprogramación anteriormente mencionado con la célula, y proporciona además una célula obtenida mediante el procedimiento mencionado anteriormente, y una célula somática derivada mediante la inducción de la diferenciación de una célula obtenida por el procedimiento mencionado anteriormente.

Usando el factor de reprogramación proporcionado por la presente divulgación, la reprogramación de un núcleo celular diferenciado puede inducirse convenientemente y de manera altamente reproducible sin usar embriones o células ES, y se puede establecer una célula madre pluripotente inducida, como una célula indiferenciada que tiene capacidad de diferenciación, pluripotencia y capacidad de crecimiento similar a las de las células ES. Por ejemplo, una célula madre pluripotente inducida con alta capacidad de crecimiento y pluripotencia de diferenciación puede prepararse a partir de la propia célula somática del paciente usando el factor de reprogramación de la presente divulgación. Las células que se pueden obtener diferenciando dicha célula (por ejemplo, células de músculo cardíaco, células productoras de insulina, células nerviosas y similares) son extremadamente útiles, porque pueden utilizarse para terapias de trasplante de células madre para una variedad de enfermedades tales como insuficiencia cardíaca, diabetes mellitus dependiente de insulina, enfermedad de Parkinson y lesión de la médula espinal, evitando así el problema ético relacionado con el uso de embriones humanos y el rechazo después del trasplante. Además, varias células que se pueden obtener diferenciando la célula madre pluripotente inducida (por ejemplo, células musculares cardíacas, células hepáticas y similares) son altamente útiles como sistemas para evaluar la

eficacia o toxicidad de compuestos, medicamentos, venenos y similares.

En algunos casos, los oligonucleótidos antisentido de la presente divulgación se usan junto con otros factores de transcripción requeridos para inducir células madre pluripotentes a partir de un tejido adulto dado. Estas células  
5 además pueden ser introducidas en una lesión y pueden diferenciarse en un tipo de célula requerido in vitro o in vivo.

En algunos aspectos, los oligonucleótidos antisentido se administran a una célula o paciente para mantener la pluripotencia y/o las características de autorrenovación y son adecuados para cualquier célula madre, célula  
10 progenitora, o cualquier célula derivada. Como ejemplo ilustrativo, puede utilizarse en el procedimiento cualquier ESC humana pluripotente o una línea celular respectiva. Los medios de derivar una población de dichas células están bien establecidos en la técnica (por ejemplo, Thomson, J. A. et al. Science 282, 1145-1147; Cowan, C. A. et al. [2004] N. Engl. J. Med. 350,1353-1356). Además, se sabe, por ejemplo, que existen 71 líneas de ESC humanas independientes, de las cuales 11 líneas celulares están disponibles para fines de investigación, tales como GE01,  
15 GE09, BG01, BG02, TE06 o WA09. Las células madre adultas pueden, por ejemplo, aislarse de la sangre de la placenta y del cordón umbilical sobrante después del nacimiento, o de miofibrias, a las que están asociadas como las llamadas "células satélite".

Cuando el procedimiento esté destinado a usarse para una célula progenitora, es decir, una célula que dé lugar a  
20 células somáticas maduras, podrá usarse cualquier célula progenitora en este procedimiento de la divulgación. Ejemplos de células progenitoras adecuadas incluyen, pero no se limitan a, células progenitoras neuronales, células progenitoras endoteliales, células progenitoras eritroides, células progenitoras cardíacas, células progenitoras de oligodendrocitos, células progenitoras de la retina, o células progenitoras hematopoyéticas.

Las células progenitoras, tales como las células progenitoras endoteliales obtenidas de sangre periférica, por  
25 ejemplo, han demostrado poseer altos niveles de expresión de Nanog y Oct-4. Se ha notificado que las células progenitoras del SNC, como las células progenitoras de la retina, expresan altos niveles de Sox2.

Como se indicó anteriormente, los oligonucleótidos antisentido modulan la expresión y/o función génica en una  
30 célula. En algunos aspectos, un gen SOX endógeno es funcionalmente activo. En algunos de aspectos, la célula respectiva es una célula madre o una célula progenitora. Ejemplos de células madre que pueden ser usadas en el procedimiento de la presente divulgación incluyen, pero no se limitan a, células madre embrionarias, células madre trofoblásticas y células madre extraembrionarias. En algunos aspectos de los procedimientos de la divulgación, se puede usar una ESC (célula madre embrionaria). Las ESC de origen humano (es decir, una ESC humana) son  
35 descritas, pero no incluidas la presente invención. En otros aspectos, la célula es una célula progenitora. Y en otros aspectos, la célula es una célula cancerosa. Un ejemplo ilustrativo de una célula cancerosa es una célula cancerosa de un teratoma, como por ejemplo F9, NTERA2, C3H, TES-1, 1246 (que incluye 1246-3A), SuSa (que incluye SuSa/DXRIO y SKOV-3/DXRIO), AT805 (que incluye ATDC5), HTST, HGRT, PC (por ejemplo, PCC3/A/1) o GCT27. Dos ejemplos ilustrativos adicionales de una célula cancerosa son una célula HeLa y una célula MCF-7. En algunos aspectos, la célula es una célula híbrida de una  
40 célula madre y una célula somática. En algunos de estos aspectos, se selecciona una célula de una línea celular eucariótica establecida, tales como, por ejemplo, HEK, COS, CHO, CRE, MT4, DE (embrión de pato), QF (fibrosarcoma de la codorniz), NSO, BHK, Sf9, PC12, o High 5. Un ejemplo ilustrativo es una célula HEK 293T.

En un aspecto, los oligonucleótidos antisentido KLF4 reprograman las células madre y modulan la autorrenovación.  
45 Las células madre se ponen en contacto con uno o más oligonucleótidos antisentido KLF4. Por ejemplo, la sobreexpresión de KLF4 en células ES inhibió la diferenciación en progenitores eritroides y aumentó su capacidad para generar cuerpos embrioides secundarios. Conjuntamente con Oct3/4 y Sox2, KLF4 activa la expresión de Lefty], un gen que se expresa en células ES, pero se pierde durante el proceso de diferenciación.  
50

En otro aspecto preferido, uno o más oligonucleótidos KLF4 antisentido se administran a una o más células madre.  
Las células pueden ser células madre aisladas de la médula ósea como una célula progenitora, o células obtenidas de cualquier otra fuente, como por ejemplo, la ATCC.

"Célula progenitora derivada de médula ósea" (BMDC) o "célula madre derivada de médula ósea" se refiere a una  
55 célula madre primitiva con la maquinaria para la autorrenovación constitutivamente activa. En esta definición, se incluyen las células madre que son totipotentes, pluripotentes y precursoras. Una "célula precursora" puede ser cualquier célula en una vía de diferenciación celular que sea capaz de diferenciarse en una célula más madura. Como tal, el término "población de células precursoras" se refiere a un grupo de células capaces de convertirse en una célula más madura. Una población de células precursoras puede comprender células que son totipotentes,  
60

5 células que son pluripotentes y células que son células madre de linaje restringido (es decir, células capaces de convertirse en menos de todos los linajes hematopoyéticos, o en, por ejemplo, solo células de linaje eritroide). Como se usa en el presente documento, el término "célula totipotente" se refiere a una célula capaz de convertirse en todos los linajes celulares. De forma similar, el término "población totipotente de células" se refiere a una  
 10 composición de células capaces de convertirse en todos los linajes celulares. Asimismo, como se usa en el presente documento, el término "célula pluripotente" se refiere a una célula capaz de convertirse en una variedad (aunque no todos) de linajes y al menos es capaz de convertirse en todos los linajes hematopoyéticos (por ejemplo, linajes linfoides, eritroides y trombocíticos). Las células madre derivadas de la médula ósea contienen dos tipos de células madre bien caracterizadas. Las células madre mesenquimales (MSC) normalmente forman condrocitos y  
 15 osteoblastos. Las células madre hematopoyéticas (HSC) son de origen mesodérmico que normalmente dan lugar a células de la sangre y del sistema inmune (por ejemplo, linajes eritroide, granulocítico/macrófago, megacariocítico y linfoide). Además, también se ha demostrado que las células madre hematopoyéticas tienen la capacidad de diferenciarse en las células de hígado (incluidos hepatocitos, células de los conductos biliares), pulmón, riñón (p. ej., células epiteliales tubulares renales y parénquima renal), tracto gastrointestinal, fibras musculares esqueléticas, astrocitos del ENS, neuronas de Purkinje, músculo cardíaco (p. ej., cardiomiocitos), endotelio y piel.

20 En otro aspecto preferido, los oligonucleótidos antisentido modulan la expresión y/o la función de KLF4 en pacientes que padecen o están en riesgo de desarrollar enfermedades o trastornos asociados con KLF4. Se puede tratar numerosas enfermedades o afecciones mediante la modulación de KLF4, incluida la renovación de células madre y la reprogramación.

25 En otro aspecto preferido, los compuestos oligoméricos de la presente divulgación también incluyen variantes en las que una base diferente está presente en una o más de las posiciones de nucleótido en el compuesto. Por ejemplo, si el primer nucleótido es una adenosina, pueden producirse variantes que contienen timidina, guanosa o citidina en esta posición. Esto puede hacerse en cualquiera de las posiciones del compuesto antisentido. Estos compuestos se ensayan entonces usando los procedimientos descritos en el presente documento para determinar su capacidad para inhibir la expresión de un ácido nucleico diana. Los oligonucleótidos antisentido que modulan la expresión, la actividad o cualquier función de KLF4 también modularían los factores en las vías celulares que están asociados con la actividad, función o expresión de KLF4.

30 Los ejemplos de factores modulados por KLF4 se muestran en la tabla a continuación:

<b>Factor/afección Dianas de activación</b>	<b>Factor/afección Dianas de represión</b>
1200015N20Rik	Bax
Antígeno A33	CD11d
B2R	Ciclina B1
CYP1A1	Ciclina D1
Citoqueratina 4	Ciclina E
EBVED-L2	Fgf5
hSMVT	Histidina decarboxilasa
1AP	KLF2
iNOS	Laminina a1
Queratina 4	Nes
Queratina 19	Ornitina descarboxilasa
KLF4	p53
Laminina a-3A	PAI-1
Laminina y-1	SM22a
Leftyl	SM a-actina
Nanog	Sp1
Oct4	
p21Cip1	
p27Kip1	
p57Kip2	
PKG-Ia	
Rb	
Sox2	
SPRR1A	
SPRR2A	
Tbx3	



u-PAR	
-------	--

En un aspecto, los oligonucleótidos son específicos para polinucleótidos de un factor de reprogramación, que incluye, sin limitación regiones no codificantes. Las dianas del factor de reprogramación comprenden variantes de un factor de reprogramación; mutantes de un factor de reprogramación, que incluyen SNP; secuencias no codificantes de un factor de reprogramación; alelos, fragmentos y similares. Preferentemente, el oligonucleótido es una molécula de ARN antisentido.

De acuerdo con aspectos de la divulgación, la molécula de ácido nucleico diana no está limitada a polinucleótidos de un factor de reprogramación en solitario, sino que se extiende a cualquiera de las isoformas, receptores, homólogos, regiones no codificantes y similares de un factor de reprogramación.

En un aspecto, un oligonucleótido está dirigido a una secuencia antisentido natural (antisentido natural a las regiones codificantes y no codificantes) de dianas de un factor de reprogramación, incluyendo, sin limitación, variantes, alelos, homólogos, mutantes, derivados, fragmentos y secuencias complementarias a los mismos. Preferentemente el oligonucleótido es una molécula de ARN o ADN antisentido.

En otro aspecto, los compuestos oligoméricos de la presente divulgación también incluyen variantes en las que una base diferente está presente en una o más de las posiciones de nucleótido en el compuesto. Por ejemplo, si el primer nucleótido es una adenina, pueden producirse variantes que contienen timidina, guanósina, citidina u otros nucleótidos naturales o no naturales en esta posición. Esto puede hacerse en cualquiera de las posiciones del compuesto antisentido.

En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad, entre el compuesto antisentido y la diana, es de aproximadamente el 50 % a aproximadamente el 60 %. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 60 % a aproximadamente el 70 %. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 70 % a aproximadamente el 80 %. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 80% a aproximadamente el 90%. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 90 %, aproximadamente el 92 %, aproximadamente el 94 %, aproximadamente el 95 %, aproximadamente el 96 %, aproximadamente el 97 %, aproximadamente el 98 %, aproximadamente el 99 % o aproximadamente el 100 %.

Un compuesto antisentido es específicamente hibridable cuando la unión del compuesto al ácido nucleico diana interfiere en la función normal del ácido nucleico diana para producir una pérdida de actividad, y hay un grado de complementariedad suficiente para evitar la unión inespecífica del compuesto antisentido a secuencias de ácidos nucleicos no diana en condiciones en las que se desea la unión específica. Dichas condiciones incluyen, es decir, condiciones fisiológicas en el caso de ensayos in vivo o tratamiento terapéutico, y condiciones en las que se realizan los ensayos en el caso de ensayos in vitro.

Un compuesto antisentido, ya sea ADN, ARN, quimérico, sustituido, etc., es específicamente hibridable cuando la unión del compuesto a la molécula de ADN o de ARN diana interfiere en la función normal del ADN o ARN diana para producir una pérdida de utilidad, y hay un grado de complementariedad suficiente para evitar la unión inespecífica del compuesto antisentido a secuencias no diana en condiciones en las que se desea la unión específica, es decir, en condiciones fisiológicas en el caso de ensayos in vivo o tratamiento terapéutico, y en el caso de ensayos in vitro, en condiciones en las que se realizan los ensayos.

En otro aspecto preferido, la elección como diana de un factor de reprogramación, incluyendo sin limitación, secuencias antisentido que se identifican y se expanden, usando, por ejemplo, PCR, hibridación etc., una o más de las secuencias expuestas como las SEQ ID NO: 4 a 6, y similares, modulan la expresión o función de un factor de reprogramación. En un aspecto, la expresión o función está regulada positivamente en comparación con un control. En otro aspecto preferido, la expresión o función está regulada negativamente en comparación con un control.

En otro aspecto preferido, los oligonucleótidos comprenden secuencias expuestas como las SEQ ID NO: 7 a 17 incluyendo secuencias antisentido que se identifican y expanden, usando, por ejemplo PCR, hibridación, etc. Estos oligonucleótidos pueden comprender uno o más nucleótidos modificados, fragmentos más cortos o más largos, enlaces modificados y similares. Los ejemplos de enlaces modificados o enlaces internucleotídicos comprenden fosforotioato, fosforoditioato o similares. En otro aspecto preferido, los nucleótidos comprenden un derivado de fósforo. El derivado de fósforo (o grupo fosfato modificado) que puede unirse al resto de azúcar o de análogo de azúcar en los oligonucleótidos modificados de la presente divulgación puede ser un monofosfato, difosfato, trifosfato,

alquilfosfato, alcanofosfato, fosforotioato y similares. La preparación de los análogos de fosfato indicados anteriormente, y su incorporación en nucleótidos, nucleótidos modificados y oligonucleótidos, también es en sí conocida y no es necesario describirla aquí.

5 La especificidad y sensibilidad de antisentido también es empleada por los expertos en la materia para usos terapéuticos. Se han empleado oligonucleótidos antisentido como restos terapéuticos en el tratamiento de patologías en animales y el ser humano. Los oligonucleótidos antisentido se han administrado con seguridad y eficazmente a seres humanos y numerosos ensayos clínicos están actualmente en marcha. De este modo, se establece que los oligonucleótidos pueden ser modalidades terapéuticas útiles que pueden configurarse para ser útiles en regímenes de tratamiento para el tratamiento de células, tejidos y animales, especialmente seres humanos.

10 En aspectos de la presente divulgación, los compuestos antisentido oligoméricos, particularmente oligonucleótidos, se unen a moléculas de ácidos nucleicos diana y modulan la expresión y/o función de moléculas codificadas por un gen diana. Las funciones de ADN con las que interferirán comprenden, por ejemplo, replicación y transcripción. Las funciones de ARN con las que interferirán comprenden todas las funciones vitales tales como, por ejemplo, translocalización del ARN al sitio de traducción de proteína, traducción de proteína desde ARN, splicing del ARN para dar una o más especies de ARNm, y actividad catalítica que puede acoplarse en o facilitarse por el ARN. Las funciones pueden regularse positivamente o inhibirse dependiendo de las funciones deseadas.

20 Los compuestos antisentido incluyen compuestos antisentido oligoméricos, oligonucleótidos antisentido, oligonucleótidos de secuencia de guía externa (EGS), agentes de splicing alterno, cebadores, sondas, y otros compuestos oligoméricos que hibridan con al menos una parte del ácido nucleico diana. Por lo tanto, estos compuestos pueden introducirse en forma de compuestos oligoméricos monocatenarios, bicatenarios, parcialmente monocatenarios, o circulares.

25 El direccionamiento de un compuesto antisentido a una molécula de ácido nucleico particular, en el contexto de esta divulgación, puede ser un proceso multietapa. El proceso normalmente empieza con la identificación de un ácido nucleico diana cuya función va a modularse. Este ácido nucleico diana puede ser, por ejemplo, un gen celular (o ARNm transcrito del gen) cuya expresión está asociada a un trastorno o patología particular, o una molécula de ácido nucleico de un agente infeccioso. En la presente divulgación, el ácido nucleico diana codifica un factor de reprogramación.

30 El proceso de direccionamiento normalmente también incluye la determinación de al menos una región diana, segmento, o sitio dentro del ácido nucleico diana para que la interacción antisentido se produzca de forma que resulte el efecto deseado, por ejemplo, la modulación de la expresión. Dentro del contexto de la presente divulgación, el término "región" se define como una parte del ácido nucleico diana que tiene al menos una estructura, función o característica identificable. Dentro de las regiones de ácidos nucleicos diana están segmentos. Los "segmentos" se definen como partes más pequeñas o sub-partes de regiones dentro de un ácido nucleico diana. "Sitios", tal como se usa en la presente divulgación, se define como posiciones dentro de un ácido nucleico diana.

35 En un aspecto, los oligonucleótidos antisentido se unen a las secuencias antisentido naturales de un factor de reprogramación y modulan la expresión y/o función de un factor de reprogramación (SEQ ID NO: 1 a 3). Los ejemplos de secuencias antisentido incluyen las SEQ ID NO: 4 a 17.

40 En otro aspecto, los oligonucleótidos antisentido se unen a uno o más segmentos de polinucleótidos de un factor de reprogramación y modulan la expresión y/o función de un factor de reprogramación. Los segmentos comprenden al menos cinco nucleótidos consecutivos de los polinucleótidos sentido o antisentido de un factor de reprogramación.

45 En otro aspecto, los oligonucleótidos antisentido son específicos para secuencias antisentido naturales de un factor de reprogramación donde la unión de los oligonucleótidos a las secuencias antisentido naturales de un factor de reprogramación modulan la expresión y/o la función de un factor de reprogramación.

50 En otro aspecto, los compuestos de oligonucleótido comprenden secuencias expuestas como las SEQ ID NO: 7 a 17, secuencias antisentido que se identifican y expanden usando, por ejemplo, PCR, hibridación etc. Estos oligonucleótidos pueden comprender uno o más nucleótidos modificados, fragmentos más cortos o más largos, enlaces modificados y similares. Los ejemplos de enlaces modificados o enlaces internucleotídicos comprenden fosforotioato, fosforoditioato o similares. En otro aspecto preferido, los nucleótidos comprenden un derivado de fósforo. El derivado de fósforo (o grupo fosfato modificado) que puede unirse al resto de azúcar o de análogo de azúcar en los oligonucleótidos modificados de la presente divulgación puede ser un monofosfato, difosfato, trifosfato, alquilfosfato, alcanofosfato, fosforotioato y similares. La preparación de los análogos de fosfato indicados

60

anteriormente, y su incorporación en nucleótidos, nucleótidos modificados y oligonucleótidos, también es en sí conocida y no es necesario describirla aquí.

5 Ya que, tal como se conoce en la técnica, el codón de iniciación de la traducción normalmente es 5'-AUG (en moléculas de ARNm transcrito; 5'-ATG en la molécula de ADN correspondiente), el codón de iniciación de la traducción también se denomina el "codón AUG", el "codón de iniciación" o el "codón de iniciación AUG". Una minoría de genes tiene un codón de iniciación de la traducción que tiene la secuencia de ARN 5'-GUG, 5'-UUG o 5'-CUG; y se ha demostrado que 5'-AUA, 5'-ACG y 5'-CUG funcionan in vivo. De este modo, las expresiones "codón de iniciación de la traducción" y "codón de iniciación" pueden englobar muchas secuencias de codón, aun cuando el aminoácido iniciador en cada caso normalmente sea metionina (en eucariotas) o formilmetionina (en procariotas).  
 10 Los genes eucariotas y procariotas pueden tener dos o más codones de iniciación alternativos, uno cualquiera de los cuales puede utilizarse preferencialmente para la iniciación de la traducción en un tipo particular de célula o tejido, o en un conjunto particular de condiciones. En el contexto de la divulgación, "codón de iniciación" y "codón de iniciación de la traducción" se refieren al codón o codones que se usan in vivo para iniciar la traducción de un ARNm transcrito de un gen que codifica la familia de un factor de reprogramación, independientemente de la(s) secuencia(s) de dichos codones. Un codón de terminación de la traducción (o "codón de terminación") de un gen puede tener una de tres secuencias, es decir, 5'-UAA, 5'-UAG y 5'-UGA (las secuencias de ADN correspondientes son 5'-TAA, 5'-TAG y 5'-TGA, respectivamente).

20 Las expresiones "región de codón de iniciación" y "región de codón de iniciación de la traducción" se refieren a una parte de dicho ARNm o gen que engloba de aproximadamente 25 a aproximadamente 50 nucleótidos contiguos en cualquier dirección (es decir, 5' o 3') desde un codón de iniciación de la traducción. Análogamente, las expresiones "región de codón de terminación" y "región de codón de terminación de la traducción" se refieren a una parte de dicho ARNm o gen que engloba de aproximadamente 25 a aproximadamente 50 nucleótidos contiguos en cualquier dirección (es decir, 5' o 3') desde un codón de terminación de la traducción. Por consiguiente, la "región de codón de iniciación" (o "región de codón de iniciación de la traducción") y la "región de codón de terminación" (o "región de codón de terminación de la traducción") son todas las regiones que pueden ser eficazmente elegidas como diana con los compuestos antisentido de la presente divulgación.

30 El marco de lectura abierto (ORF) o "región codificante", que se conoce en la técnica para referirse a la región entre el codón de iniciación de la traducción y el codón de terminación de la traducción, también es una región que puede ser eficazmente elegida como diana. Dentro del contexto de la presente divulgación, una región elegida como diana es la región intragénica que engloba el codón de iniciación o de terminación de la traducción del marco de lectura abierto (ORF) de un gen.

35 Otra región diana incluye la región no traducida 5' (5'UTR), conocida en la técnica para referirse a la parte de un ARNm en la dirección 5' desde el codón de iniciación de la traducción, y que incluye, por lo tanto, nucleótidos entre el sitio caperuza 5' (5' cap) y el codón de iniciación de la traducción de un ARNm (o nucleótidos correspondientes en el gen). Otra región diana más incluye la región no traducida 3' (3'UTR), conocida en la técnica para referirse a la parte de un ARNm en la dirección 3' desde el codón de terminación de la traducción, y que incluye, por lo tanto, nucleótidos entre el codón de terminación de la traducción y el extremo 3' de un ARNm (o nucleótidos correspondientes en el gen). El sitio caperuza 5' de un ARNm comprende un residuo de guanosina N7-metilado unido al residuo más 5' del ARNm mediante un enlace trifosfato 5'-5'. La región caperuza 5' de un ARNm se considera que incluye la propia estructura caperuza 5', además de los primeros 50 nucleótidos adyacentes al sitio caperuza. Otra región diana para esta divulgación es la región caperuza 5'.

45 Aunque algunos transcritos de ARNm eucariotas se traducen directamente, muchos contienen una o más regiones, conocidas como "intrones", que se escinden de un transcrito antes de que se traduzca. Las regiones restantes (y, por tanto, traducidas) se conocen como "exones" y se someten a splicing juntas para formar una secuencia de ARNm continua. En un aspecto, la elección como diana de sitios de splicing, es decir, empalmes intrón-exón o empalmes exón-intrón, es particularmente útil en situaciones en las que el splicing aberrante participa en la enfermedad, o en las que una producción en exceso de un producto de splicing particular participa en la enfermedad. Un empalme de fusión aberrante debido a la transposición o delección es otro aspecto de un sitio diana. Los ARNm transcritos producidos mediante el proceso de splicing de dos (o más) ARNm de diferentes fuentes de genes se conocen como "transcritos de fusión". Los intrones pueden ser eficazmente elegidos como diana usando compuestos antisentido dirigidos a, por ejemplo, ADN o pre-ARNm.

50 En otro aspecto, los oligonucleótidos antisentido se unen a regiones codificantes y/o no codificantes de un polinucleótido diana y modulan la expresión y/o función de la molécula diana.

60

En otro aspecto, los oligonucleótidos antisentido se unen a polinucleótidos antisentido naturales y modulan la expresión y/o función de la molécula diana.

5 En otro aspecto, los oligonucleótidos antisentido se unen a polinucleótidos sentido y modulan la expresión y/o función de la molécula diana.

10 Pueden producirse transcritos de ARN alternativos a partir de la misma región genómica de ADN. Estos transcritos alternativos son generalmente conocidos como "variantes". Más específicamente, "variantes de pre-ARNm" son transcritos producidos a partir del mismo ADN genómico que se diferencian de otros transcritos producidos a partir del mismo ADN genómico en su posición de inicio o de parada y contienen tanto secuencia intrónica como exónica.

15 Tras la escisión de una o más regiones de exón o intrón, o partes de las mismas durante el corte y empalme, las variantes de pre-ARNm producen "variantes de ARNm" más pequeñas. Por consiguiente, las variantes de ARNm son variantes de pre-ARNm procesadas y cada variante de pre-ARNm única siempre debe producir una variante de ARNm única como resultado del corte y empalme. Estas variantes de ARNm también se conocen como "variantes de splicing alternativas". Si no se produce splicing de la variante de pre-ARNm, entonces la variante de pre-ARNm es idéntica a la variante de ARNm.

20 Las variantes pueden producirse mediante el uso de señales alternativas para la transcripción de inicio o de parada. Los Pre-ARNm y ARNm pueden poseer más de un codón de iniciación o codón de terminación. Las variantes que se originan a partir de un pre-ARNm o ARNm que usan codones de iniciación alternativos se conocen como "variantes de inicio alternativas" de ese pre-ARNm o ARNm. Aquellos transcritos que usan un codón de terminación alternativo se conocen como "variantes de parada alternativas" de ese pre-ARNm o ARNm. Un tipo específico de variante de parada alternativa es la "variante de poliA", en la que los múltiples transcritos producidos resultan de la selección alternativa de una de las "señales de parada de poliA" por la maquinaria de transcripción, produciendo de este modo transcritos que terminan en sitios de poliA únicos. Dentro del contexto de la divulgación, los tipos de variantes descritos en el presente documento también son aspectos de ácidos nucleicos diana.

25 Las ubicaciones en el ácido nucleico diana con las que los compuestos antisentido hibridan se definen como al menos una parte de 5 nucleótidos de longitud de una región diana a la que se dirige un compuesto antisentido activo.

30 Aunque las secuencias específicas de ciertos segmentos diana a modo de ejemplo se exponen en el presente documento, un experto en la materia reconocerá que éstas sirven para ilustrar y describir aspectos particulares dentro del alcance de la presente divulgación. Segmentos diana adicionales son fácilmente identificables por un experto en la materia en vista de esta divulgación.

35 Se considera que segmentos diana de 5-100 nucleótidos de longitud que comprenden un tramo de al menos cinco (5) nucleótidos consecutivos seleccionados de dentro de los segmentos diana preferidos ilustrativos también son adecuados para el direccionamiento.

40 Los segmentos diana pueden comprender secuencias de ADN o ARN que comprenden al menos los 5 nucleótidos consecutivos desde el extremo 5' de uno de los segmentos diana preferidos ilustrativos (siendo los restantes nucleótidos un tramo consecutivo del mismo ADN o ARN que empieza inmediatamente cadena arriba del extremo 5' del segmento diana y que continúa hasta que el ADN o ARN contenga de aproximadamente 5 a aproximadamente 100 nucleótidos). Segmentos diana similarmente preferidos se representan por secuencias de ADN o ARN que comprenden al menos los 5 nucleótidos consecutivos desde el extremo 3' de uno de los segmentos diana preferidos ilustrativos (siendo los restantes nucleótidos un tramo consecutivo del mismo ADN o ARN que empieza inmediatamente cadena abajo del extremo 3' del segmento diana y que continúa hasta que el ADN o ARN contenga de aproximadamente 5 a aproximadamente 100 nucleótidos). Un experto en la materia armado con los segmentos diana ilustrados en el presente documento será capaz, sin excesiva experimentación, de identificar segmentos diana preferidos adicionales.

45 Una vez se han identificado una o más regiones, segmentos o sitios diana, se eligen compuestos antisentido que son suficientemente complementarios a la diana, es decir, hibridan suficientemente bien y con suficiente especificidad, para dar el efecto deseado.

50 En aspectos de la divulgación, los oligonucleótidos se unen a una cadena antisentido de una diana particular. Los oligonucleótidos tienen al menos 5 nucleótidos de longitud y pueden sintetizarse de manera que cada oligonucleótido se dirija a secuencias solapantes de forma que los oligonucleótidos se sintetizan para cubrir toda la

60

longitud del polinucleótido diana. Las dianas también incluyen regiones codificantes, además de no codificantes.

En un aspecto, los oligonucleótidos antisentido toman como diana ácidos nucleicos específicos. El direccionamiento de un compuesto antisentido a un ácido nucleico particular es un proceso multietapa. El proceso normalmente empieza con la identificación de una secuencia de ácidos nucleicos cuya función va a modularse. Ésta puede ser, por ejemplo, un gen celular (o ARNm transcrito a partir del gen) cuya expresión está asociada a un trastorno o patología particular, o un polinucleótido no codificante tal como, por ejemplo, ARN no codificante (ARNnc).

Los ARN pueden clasificarse en (1) ARN mensajeros (ARNm), que se traducen en proteínas, y (2) ARN no codificantes de proteína (ARNnc). Los ARNnc comprenden microARN, transcritos antisentido y otras unidades transcripcionales (TU) que contienen una alta densidad de codones de terminación y que carecen de cualquier amplio "marco de lectura abierto". Muchos ARNnc parecen empezar a partir de sitios de iniciación en regiones no traducidas 3' (3'UTRs) de loci codificantes de proteínas. Los ARNnc son frecuentemente raros y al menos la mitad de los ARNnc que se han secuenciado por el consorcio FANTOM no parecen estar poliadenilados. La mayoría de los investigadores se han basado, por motivos obvios, en ARNm poliadenilados que se procesan y se exportan al citoplasma. Recientemente, se demostró que el conjunto de ARN nucleares no poliadenilados puede ser muy grande, y que muchos de dichos transcritos surgen de las regiones intergénicas. El mecanismo por el que los ARNnc pueden regular la expresión génica es por apareamiento de bases con transcritos diana. Los ARN que funcionan por apareamiento de bases pueden agruparse en (1) ARN codificados en cis que están codificados en la misma ubicación genética, pero en la cadena opuesta a los ARN en los que actúan y, por lo tanto, muestran complementariedad perfecta con su diana, y (2) ARN codificados en trans que están codificados en una ubicación cromosómica distinta de los ARN en los que actúan y generalmente no presentan potencial de apareamiento de bases perfecto con sus dianas.

Sin desear ceñirse a ninguna teoría, la perturbación de un polinucleótido antisentido por los oligonucleótidos antisentido descritos en el presente documento puede alterar la expresión de los ARN mensajeros sentido correspondientes. Sin embargo, esta regulación puede tanto ser discordante (la inactivación antisentido produce elevación de ARN mensajero) como concordante (la inactivación antisentido produce reducción concomitante de ARN mensajero). En estos casos, los oligonucleótidos antisentido pueden ser dirigidos a partes solapantes o no solapantes del transcrito antisentido que producen su inactivación o secuestro. El antisentido codificante, además de no codificante, puede ser dirigido de una manera idéntica y que cualquier categoría es capaz de regular los transcritos sentido correspondientes - tanto de una manera concordante como discordante. Las estrategias que se emplean en identificar nuevos oligonucleótidos para su uso contra una diana pueden basarse en la inactivación de transcritos de ARN antisentido por oligonucleótidos antisentido o cualquier otro medio de modulación de la diana deseada.

Varias secuencias de nucleótidos son relevantes para la divulgación, incluidas:

Las siguientes secuencias de nucleótidos son relevantes para la divulgación, incluidas:

SEQ ID NO: 1: SRY-box 2 (de sus siglas en inglés Sex determining Region Y-box 2) (SOX2) de homo sapiens, ARNm (N.º de acceso de NCBI: NM\_003106.2).

SEQ ID NO: 2: Factor 4 Kruppel-like (intestino) (KLF4), ARNm (N.º de acceso de NCBI: NM\_004235.4).

SEQ ID NO: 3: POU clase 5 homeobox 1 (POU5F1) de homo sapiens, variante 1 del ARNm transcrito, (N.º de acceso de NCBI: NM\_002701.4).

SEQ ID NO: 4: Secuencia antisentido del SOX2 natural humano (AI885646)

SEQ ID NO: 5: Secuencia antisentido del KLF4 natural murino (DB461753)

SEQ ID NO: 6: Secuencia antisentido del POU5F1 natural humano (AI926793)

Oligonucleótidos antisentido de SOX2, SEQ ID NO: 7 y 8. "r" indica ARN y \* indica enlace de fosfotioato.

Oligonucleótidos antisentido de KLF4, SEQ ID NO: 9 a 12. \* indica enlace fosfotioato.

Oligonucleótidos antisentido de POU5F1, SEQ ID NO: 13 a 17. \* indica enlace fosfotioato.

La figura 5 muestra los oligonucleótidos sentido de SOX2, SEQ ID NO: 18 y 19. Los oligonucleótidos sentido, la SEQ ID NO: 18 y 19 son los complementos inversos de los oligonucleótidos antisentido, SEQ ID NO: 7 y 8 respectivamente. "r" indica ARN

*Estrategia 1:* En el caso de regulación discordante, la inactivación del transcrito antisentido eleva la expresión del gen convencional (sentido). Si el último gen debe codificar un fármaco diana conocido o supuesto, entonces la inactivación de su homólogo antisentido podría imitar posiblemente la acción de un agonista receptor o una enzima estimulante.

*Estrategia 2:* En el caso de regulación concordante, podrían inactivarse de forma concomitante tanto los transcritos antisentido como sentido y así lograr una reducción sinérgica de la expresión génica (sentido) convencional. Si, por ejemplo, un oligonucleótido antisentido se usa para lograr la inactivación, entonces esta estrategia puede usarse para aplicar un oligonucleótido antisentido dirigido al transcrito sentido y otro oligonucleótido antisentido al transcrito antisentido correspondiente, o un único oligonucleótido antisentido energéticamente simétrico que se dirige simultáneamente a transcritos sentido y antisentido solapantes.

De acuerdo con la presente divulgación, los compuestos antisentido incluyen oligonucleótidos antisentido, ribozimas, oligonucleótidos de secuencia de guía externa (EGS), compuestos de siRNA, compuestos de interferencia (iARN) de ARN mono- o bicatenario tales como compuestos de siRNA, y otros compuestos oligoméricos que hibridan con al menos una parte del ácido nucleico diana y modulan su función. Por lo tanto, pueden ser ADN, ARN, similares a ADN, similares a ARN, o mezclas de los mismos, o pueden ser miméticos de uno o más de estos. Estos compuestos pueden ser compuestos oligoméricos monocatenarios, bicatenarios, circulares o de horquilla y pueden contener elementos estructurales tales como protuberancias internas o terminales, desapareamientos o bucles. Los compuestos antisentido se preparan de forma rutinaria linealmente, pero pueden unirse o prepararse de otro modo para ser circulares y/o ramificados. Los compuestos antisentido pueden comprender construcciones tales como, por ejemplo, dos cadenas hibridadas para formar un compuesto completa o parcialmente bicatenario o una única cadena con auto-complementariedad suficiente para permitir la hibridación y formación de un compuesto completa o parcialmente bicatenario. Las dos cadenas pueden enlazarse internamente, dejando los extremos 3' o 5' libres o pueden enlazarse para formar una estructura de horquilla continua o bucle. La estructura de horquilla puede contener un nucleótido protuberante en cualquiera de los extremos 5' o 3' que produce una extensión del carácter monocatenario. Los compuestos bicatenarios opcionalmente pueden comprender nucleótidos protuberantes en los extremos. Modificaciones adicionales pueden comprender grupos conjugados unidos a uno de los extremos, posiciones de nucleótido seleccionadas, posiciones de azúcar o a uno de los enlaces internucleosídicos. Como alternativa, las dos cadenas pueden enlazarse mediante un resto no de ácido nucleico o grupo conector. Cuando se forma a partir de solo una cadena, el dsARN puede tomar la forma de una molécula tipo horquilla auto-complementaria que se dobla sobre sí misma para formar un dúplex. De este modo, el dsARN puede ser completa o parcialmente bicatenario. Puede lograrse modulación específica de la expresión génica por expresión estable de horquillas de dsARN en líneas celulares transgénicas, sin embargo, en algunos casos, la expresión o función génica está regulada positivamente. Cuando se forma a partir de dos cadenas, o una única cadena que adopta la forma de una molécula de tipo horquilla auto-complementaria que se dobla sobre sí misma para formar un dúplex, las dos cadenas (o regiones formadoras de dúplex de una sola cadena) son cadenas de ARN complementarias que se aparean con bases en el modo de Watson-Crick.

Una vez introducidos a un sistema, los compuestos de la divulgación pueden provocar la acción de una o más enzimas o proteínas estructurales para efectuar la escisión u otra modificación del ácido nucleico diana o pueden trabajar mediante mecanismos basados en la ocupación. En general, los ácidos nucleicos (incluyendo oligonucleótidos) pueden describirse como "similares a ADN" (es decir, que generalmente tienen uno o más 2'-desoxiazúcares y, generalmente, bases T en vez de U) o "similares a ARN" (es decir, que generalmente tienen uno o más 2'-hidroxilo o azúcares modificados en 2' y, generalmente bases U en vez de T). Las hélices de ácido nucleico pueden adoptar más de un tipo de estructura, más comúnmente las formas A y B. Se cree que, en general, los oligonucleótidos que tienen estructura similar a la forma B son "similares a ADN" y aquellos que tienen estructura similar a la forma A son "similares a ARN". En algunos aspectos (quiméricos), un compuesto antisentido puede contener tanto regiones en forma A como B.

En un aspecto, los oligonucleótidos o compuestos antisentido deseados comprenden al menos un ARN antisentido, ADN antisentido, oligonucleótidos antisentido quiméricos, oligonucleótidos antisentido que comprenden enlaces modificados, ARN de interferencia (ARNi), ARN de interferencia pequeño (siRNA); un microARN de interferencia (miARN); un ARN temporal pequeño (ARNtp); o un ARN de horquilla corta (ARNhc); activación génica inducida por ARN pequeño (ARNa); ARN activantes pequeños (ARNap), o combinaciones de los mismos.

Los dsARN también pueden activar la expresión génica, un mecanismo que se ha llamado "activación génica inducida por ARN pequeño" o ARNa. Los promotores génicos que se dirigen a dsARN inducen la potente activación transcripcional de genes asociados. El aARN se demostró en células humanas usando dsARN sintéticos, llamados "ARN activantes pequeños" (ARNap).

Se ha descubierto que el ARN bicatenario pequeño (dsARN), tal como ARN de interferencia pequeño (siRNA) y microARN (miARN), es el desencadenante de un mecanismo evolutivamente conservado conocido como ARN de interferencia (ARNi). El ARNi conduce invariablemente al silenciamiento génico. Sin embargo, en los aspectos

descritos en detalle en la sección de ejemplos a continuación, se muestra que los oligonucleótidos aumentan la expresión y/o función de los polinucleótidos del factor de reprogramación y productos codificados por los mismos. Los dsARN también pueden actuar como ARN activantes pequeños (ARNap). Sin desear ceñirse a ninguna teoría, direccionando secuencias a promotores génicos, los ARN<sub>ap</sub> inducirán la expresión de genes diana en un fenómeno denominado activación transcripcional inducida por dsARN (aARN).

En un aspecto adicional, los "segmentos diana preferidos" identificados en el presente documento pueden emplearse en un cribado para compuestos adicionales que modulan la expresión de polinucleótidos de un factor de reprogramación. Los "moduladores" son aquellos compuestos que disminuyen o aumentan la expresión de una molécula de ácido nucleico que codifica un factor de reprogramación y que comprenden al menos una parte de 5 nucleótidos que es complementaria a un segmento diana preferido. El procedimiento de cribado comprende las etapas de poner en contacto un segmento diana preferido de una molécula de ácido nucleico que codifica polinucleótidos sentido o antisentido naturales de un factor de reprogramación con uno o más moduladores candidatos, y seleccionar uno o más moduladores candidatos que disminuyen o aumentan la expresión de una molécula de ácido nucleico que codifica polinucleótidos de un factor de reprogramación, por ejemplo, SEQ ID NO: 7 a 17. Una vez que se demuestra que el modulador o los moduladores candidatos son capaces de modular (por ejemplo, tanto disminuir como aumentar) la expresión de una molécula de ácido nucleico que codifica polinucleótidos de un factor de reprogramación, el modulador puede entonces emplearse en estudios de investigación adicionales de la función de polinucleótidos de un factor de reprogramación, o para su uso como un agente de investigación, diagnóstico o terapéutico de acuerdo con la presente divulgación.

Direccionar la secuencia antisentido natural modula la función del gen diana. Por ejemplo, el factor de reprogramación (por ejemplo, números de acceso NM\_003106, NM\_004235, NM\_002701). En un aspecto preferido, la diana es un polinucleótido antisentido de un factor de reprogramación. En un aspecto preferido, un oligonucleótido antisentido se dirige a secuencias sentido y/o antisentido naturales de los polinucleótidos de un factor de reprogramación (por ejemplo, número de acceso NM\_003106, NM\_004235, NM\_002701), variantes, alelos, isoformas, homólogos, mutantes, derivados, fragmentos y secuencias complementarias a los mismos. Preferentemente, el oligonucleótido es una molécula antisentido y las dianas incluyen regiones codificantes y no codificantes de polinucleótidos antisentido y/o sentido de un factor de reprogramación.

Los segmentos diana preferidos de la presente divulgación también pueden combinarse con sus compuestos antisentido complementarios respectivos de la presente divulgación para formar oligonucleótidos (duplexados) bicatenarios estabilizados.

Se ha demostrado en la materia que dichos restos de oligonucleótido bicatenario modulan la expresión de la diana y regulan la traducción, además del procesamiento de ARN mediante un mecanismo antisentido. Además, los restos bicatenarios pueden estar sujetos a modificaciones químicas. Por ejemplo, se ha demostrado que dichos restos bicatenarios inhiben la diana por la hibridación clásica de la cadena antisentido del dúplex con la diana, produciendo de este modo la degradación enzimática de la diana.

En un aspecto preferido, un oligonucleótido antisentido se dirige a polinucleótidos de un factor de reprogramación (por ejemplo, números de acceso NM\_003106, NM\_004235, NM\_002701), variantes, alelos, isoformas, homólogos, mutantes, derivados, fragmentos y secuencias complementarias a los mismos. Preferentemente, el oligonucleótido es una molécula antisentido.

De acuerdo con aspectos de la divulgación, la molécula de ácido nucleico diana no se limita al factor de reprogramación solo, sino que se extiende a cualquiera de las isoformas, receptores, homólogos y similares de una molécula de un factor de reprogramación.

En un aspecto, un oligonucleótido se dirige a una secuencia antisentido natural de polinucleótidos de un factor de reprogramación, por ejemplo, los polinucleótidos expuestos en SEQ ID NO: 4 a 6, y cualquier variante, alelo, homólogo, mutante, derivado, fragmento y secuencia complementaria a los mismos. Ejemplos de oligonucleótidos antisentido se exponen como las SEQ ID NO: 7 a 17.

En un aspecto, los oligonucleótidos son complementarios a o se unen a secuencias de ácido nucleico de un factor de reprogramación antisentido, incluyendo sin limitación secuencias sentido y/o antisentido no codificantes asociadas con polinucleótidos de un factor de reprogramación y modulan la expresión y/o función de moléculas de un factor de reprogramación.

En otro aspecto, los oligonucleótidos son complementarios a, o se unen a, secuencias de ácido nucleico del

antisentido natural de un factor de reprogramación, expuesto como SEQ ID NO: 4 a 6, y modulan la expresión y/o la función de moléculas de un factor de reprogramación.

5 En un aspecto, los oligonucleótidos comprenden secuencias de al menos 5 nucleótidos consecutivos de las SEQ ID NO: 7 a 17, y modulan la expresión y/o la función de moléculas de un factor de reprogramación.

10 Las dianas de polinucleótido comprenden un factor de reprogramación, que incluye miembros de su familia, variantes de un factor de reprogramación; mutantes de un factor de reprogramación, que incluyen SNP; secuencias no codificantes de un factor de reprogramación; alelos de un factor de reprogramación; variantes de especies, fragmentos y similares. Preferentemente, el oligonucleótido es una molécula antisentido.

15 En un aspecto, el oligonucleótido que se dirige a polinucleótidos de un factor de reprogramación, comprende: ARN antisentido, ARN de interferencia (ARNi), ARN de interferencia pequeño (siARN); microARN de interferencia (miARN); un ARN temporal pequeño (ARNtp); o un ARN de horquilla corta (ARNhc); activación génica inducida por ARN pequeño (ARNa); o, ARN activante pequeño (ARNap).

20 En otro aspecto, direccionar a los polinucleótidos de un factor de reprogramación, por ejemplo, las SEQ ID NO: 4 a 6, modula la expresión o función de estas dianas. En un aspecto, la expresión o función está regulada positivamente en comparación con un control. En otro aspecto preferido, la expresión o función está regulada negativamente en comparación con un control.

25 En otro aspecto, los compuestos antisentido comprenden secuencias expuestas como las SEQ ID NO: 7 a 17. Estos oligonucleótidos pueden comprender uno o más nucleótidos modificados, fragmentos más cortos o más largos, enlaces modificados y similares.

En otro aspecto, las SEQ ID NO: 7 a 17 comprenden uno o más nucleótidos de LNA.

La tabla 1 muestra ejemplos de oligonucleótidos antisentido útiles en los procedimientos de la divulgación.

ID de secuencia	Nombre de la secuencia antisentido	Secuencia
SEQ ID NO: 7	CUR-0404	rArUrArArUrArArUrGrGrArArCrGrUrGrGrCrUrGrGrUrArGrArU
SEQ ID NO: 8	CUR-0406	rCrUrGrArGrUrUrUrCrCrArGrUrGrGrUrArUrArUrArGrUrG
SEQ ID NO: 9	CUR-0933	T*G*A*G*T*G*G*T*C*A*G*T*G*T*T*C*T*T
SEQ ID NO: 10	CUR-0931	G*T*G*T*C*T*T*T*G*T*A*C*T*T*G*C*T*C*C*T
SEQ ID NO: 11	CUR-0930	C*C*C*T*T*T*A*C*T*C*T*C*T*T*C*T*C*T*C*T*C
SEQ ID NO: 12	CUR-0932	T*T*G*C*T*A*C*T*T*G*T*G*T*G*T*C*T*G*A*G
SEQ ID NO: 13	CUR-1139	G*C*C*A*T*C*A*T*G*T*A*C*T*C*C*A*C*T
SEQ ID NO: 14	CUR-1140	A*G*T*T*G*G*G*T*G*T*G*G*T*G*G*C*T*C*A
SEQ ID NO: 15	CUR-1141	T*G*G*T*C*C*C*A*G*C*C*A*C*T*T*A*G*G*A*G
SEQ ID NO: 16	CUR-1142	G*G*C*G*G*G*A*G*G*A*T*T*T*C*T*T*G*A*G*G*A
SEQ ID NO: 17	CUR-1143	A*T*G*N*A*G*G*T*G*T*G*G*A*G*T*G*A*T*T*C

30 La modulación de un ácido nucleico diana deseado puede llevarse a cabo de varias formas conocidas en la técnica. Por ejemplo, oligonucleótidos antisentido, ARNi, etc. Las moléculas de ácidos nucleicos enzimáticos (por ejemplo, ribozimas) son moléculas de ácidos nucleicos capaces de catalizar una o más de diversas reacciones, que incluyen la capacidad para escindir repetidamente otras moléculas de ácidos nucleicos separadas en un modo específico de secuencia de bases de nucleótidos. Dichas moléculas de ácido nucleico enzimático se pueden dirigirse, por ejemplo, contra prácticamente cualquier transcrito de ARN.

Debido a su especificidad de secuencia, las moléculas de ácidos nucleicos enzimáticos que se escinden en trans



muestran promesa como agentes terapéuticos para enfermedad humana. Las moléculas de ácidos nucleicos enzimáticos pueden diseñarse para escindir dianas de ARN específicas dentro del fondo del ARN celular. Un acontecimiento de escisión de este tipo convierte el ARNm en no funcional y anula la expresión de proteínas de ese ARN. De este modo puede inhibirse selectivamente la síntesis de una proteína asociada a una patología.

5 En general, los ácidos nucleicos enzimáticos con actividad de escisión de ARN actúan uniéndose primero a un ARN diana. Dicha unión se produce mediante la parte de unión de diana de un ácido nucleico enzimático que se mantiene en estrecha proximidad a una parte enzimática de la molécula que actúa para escindir el ARN diana. De este modo, el ácido nucleico enzimático se reconoce primero y a continuación se une a ARN diana mediante apareamiento de bases complementario, y una vez se une al sitio correcto, actúa enzimáticamente para cortar el ARN diana. La escisión estratégica de dicho ARN diana destruirá su capacidad para dirigir la síntesis de una proteína codificada. Después de unirse a un ácido nucleico enzimático y escindir su ARN diana, se libera de ese ARN para buscar otra diana y puede unirse repetidamente y escindir nuevas dianas.

15 Se han usado varios enfoques, tales como estrategias de selección in vitro (evolución) para desarrollar nuevos catalizadores de ácido nucleico capaces de catalizar diversas reacciones, tales como escisión y ligamiento de enlaces fosfodiéster y enlaces amida.

20 El desarrollo de ribozimas que son óptimas para la actividad catalítica contribuiría significativamente a cualquier estrategia que empleara ribozimas que escinden ARN con el fin de regular la expresión génica. La ribozima de cabeza de martillo, por ejemplo, funciona con una velocidad catalítica (kcat) de aproximadamente 1 min<sup>-1</sup> en presencia de concentraciones saturantes (10 mM) de cofactor de Mg<sup>2+</sup>. Se ha demostrado que una ribozima de "ligasa de ARN" artificial cataliza la reacción de auto-modificación correspondiente con una velocidad de aproximadamente 100 min<sup>-1</sup>. Además, se sabe que ciertas ribozimas de cabeza de martillo modificadas que tienen brazos de unión al sustrato hechos de ADN catalizan la escisión de ARN con múltiples velocidades de recuperación que se aproximan a 100 min<sup>-1</sup>. Finalmente, la sustitución de un resto específico dentro del núcleo catalítico de la cabeza de martillo con ciertos análogos de nucleótido da ribozimas modificadas que muestran una mejora de hasta 10 veces en la velocidad catalítica. Estos descubrimientos demuestran que las ribozimas pueden promover transformaciones químicas con velocidades catalíticas que son significativamente superiores a aquellas mostradas in vitro por la mayoría de las ribozimas que se auto-escinden naturales. Entonces es posible que las estructuras de ciertas ribozimas que se auto-escinden puedan optimizarse para dar la máxima actividad catalítica, o que puedan prepararse motivos de ARN completamente nuevos que muestran velocidades significativamente más rápidas para la escisión de fosfodiéster de ARN.

35 La escisión intermolecular de un sustrato de ARN por un catalizador de ARN que se ajusta al modelo de "cabeza de martillo" se demostró por primera vez en 1987. Se recuperó el catalizador de ARN y se hizo reaccionar con múltiples moléculas de ARN, demostrando que era verdaderamente catalítico.

40 Los ARN catalíticos diseñados basado en el motivo "hammerhead" han sido utilizados para cortar secuencias diana específicas haciendo cambios de base apropiado en el ARN catalítico para mantener la base necesaria en el apareamiento con las secuencias diana. Esto ha permitido el uso del ARN catalítico para escindir secuencias diana específicas e indica que los ARN catalíticos diseñados según el modelo de "cabeza de martillo" pueden escindir posiblemente ARN de sustrato específico in vivo.

45 El ARN interferencia (ARNi) se ha convertido en una poderosa herramienta para modular la expresión génica en mamíferos y células de mamífero. Este enfoque requiere la administración de ARN interferente pequeño (siRNA) bien como el propio ARN o bien como ADN, usando un plásmido de expresión o virus y la secuencia codificante para ARN de horquilla pequeño que se procesa a siRNA. Este sistema permite el eficaz transporte de los pre-siRNA al citoplasma en el que son activos y permiten el uso de promotores regulados y específicos de tejido para la expresión génica.

50 En un aspecto, un oligonucleótido o compuesto antisentido comprende un oligómero o polímero de ácido ribonucleico (ARN) y/o ácido desoxirribonucleico (ADN), o un mimético, quimera, análogo u homólogo de los mismos. Este término incluye oligonucleótidos compuestos de nucleótidos de origen natural, azúcares y enlaces internucleosídicos covalentes (esqueleto), además de oligonucleótidos que tienen partes no de origen natural que funcionan similarmente. Dichos oligonucleótidos modificados o sustituidos son frecuentemente deseados con respecto a formas nativas debido a propiedades deseables tales como, por ejemplo, captación celular potenciada, afinidad potenciada por un ácido nucleico diana y elevada estabilidad en presencia de nucleasas.

60 De acuerdo con la presente divulgación, los oligonucleótidos o "compuestos antisentido" incluyen oligonucleótidos

antisentido (por ejemplo, ARN, ADN, mimético, quimera, análogo u homólogo de los mismos), ribozimas, oligonucleótidos de secuencia de guía externa (EGS), compuestos de ARNip, compuestos de interferencia (ARNi) de ARN mono- o bicatenario tales como compuestos de ARNip, ARNap, ARNa, y otros compuestos oligoméricos que hibridan con al menos una parte del ácido nucleico diana y modulan su función. Por lo tanto, pueden ser ADN, ARN, similares a ADN, similares a ARN, o mezclas de los mismos, o pueden ser miméticos de uno o más de estos. Estos compuestos pueden ser compuestos oligoméricos monocatenarios, bicatenarios, circulares o de horquilla y pueden contener elementos estructurales tales como protuberancias internas o terminales, desapareamientos o bucles. Los compuestos antisentido se preparan de forma rutinaria linealmente, pero pueden unirse o prepararse de otro modo para ser circulares y/o ramificados. Los compuestos antisentido pueden comprender construcciones tales como, por ejemplo, dos cadenas hibridadas para formar un compuesto completa o parcialmente bicatenario o una única cadena con auto-complementariedad suficiente para permitir la hibridación y formación de un compuesto completa o parcialmente bicatenario. Las dos cadenas pueden enlazarse internamente, dejando los extremos 3' o 5' libres o pueden enlazarse para formar una estructura de horquilla continua o bucle. La estructura de horquilla puede contener un nucleótido protuberante en cualquiera de los extremos 5' o 3' que produce una extensión del carácter monocatenario. Los compuestos bicatenarios opcionalmente pueden comprender nucleótidos protuberantes en los extremos. Modificaciones adicionales pueden comprender grupos conjugados unidos a uno de los extremos, posiciones de nucleótido seleccionadas, posiciones de azúcar o a uno de los enlaces internucleosídicos. Como alternativa, las dos cadenas pueden enlazarse mediante un resto no de ácido nucleico o grupo conector. Cuando se forma a partir de solo una cadena, el dsARN puede tomar la forma de una molécula tipo horquilla auto-complementaria que se dobla sobre sí misma para formar un dúplex. De este modo, el dsARN puede ser completa o parcialmente bicatenario. Puede lograrse modulación específica de la expresión génica por expresión estable de horquillas de dsARN en líneas celulares transgénicas. Cuando se forma a partir de dos cadenas, o una única cadena que adopta la forma de una molécula de tipo horquilla auto-complementaria que se dobla sobre sí misma para formar un dúplex, las dos cadenas (o regiones formadoras de dúplex de una sola cadena) son cadenas de ARN complementarias que se aparean con bases en el modo de Watson-Crick.

Una vez introducidos a un sistema, los compuestos de la divulgación pueden provocar la acción de una o más enzimas o proteínas estructurales para efectuar la escisión u otra modificación del ácido nucleico diana o pueden trabajar mediante mecanismos basados en la ocupación. En general, los ácidos nucleicos (incluyendo oligonucleótidos) pueden describirse como "similares a ADN" (es decir, que generalmente tienen uno o más 2'-desoxiazúcares y, generalmente, bases T en vez de U) o "similares a ARN" (es decir, que generalmente tienen uno o más 2'-hidroxilo o azúcares modificados en 2' y, generalmente bases U en vez de T). Las hélices de ácido nucleico pueden adoptar más de un tipo de estructura, más comúnmente las formas A y B. Se cree que, en general, los oligonucleótidos que tienen estructura similar a la forma B son "similares a ADN" y aquellos que tienen estructura similar a la forma A son "similares a ARN". En algunos aspectos (quiméricos), un compuesto antisentido puede contener tanto regiones en forma A como B.

Los compuestos antisentido de acuerdo con esta divulgación pueden comprender una parte antisentido de aproximadamente 5 a aproximadamente 80 nucleótidos (es decir, de aproximadamente 5 a aproximadamente 80 nucleósidos enlazados) de longitud. Esto se refiere a la longitud de la cadena antisentido o parte del compuesto antisentido. En otras palabras, un compuesto antisentido monocatenario de la divulgación comprende de 5 a aproximadamente 80 nucleótidos, y un compuesto antisentido bicatenario de la divulgación (tal como un dsARN, por ejemplo) comprende una cadena sentido y antisentido o parte de 5 a aproximadamente 80 nucleótidos de longitud. Un experto habitual en la materia apreciará que éste comprenda partes antisentido de 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79 u 80 nucleótidos de longitud, o cualquier intervalo entremedias.

En un aspecto, los compuestos antisentido de la divulgación tienen partes antisentido de 10 a 50 nucleótidos de longitud. Un experto habitual en la materia apreciará que éstos integran oligonucleótidos que tienen partes antisentido de 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, o 50 nucleótidos de longitud, o cualquier intervalo entremedias. En algunos aspectos, los oligonucleótidos tienen 15 nucleótidos de longitud.

En un aspecto, los compuestos antisentido o de oligonucleótido de la divulgación tienen partes antisentido de 12 o 13 a 30 nucleótidos de longitud. Un experto en la materia apreciará que éstos integran compuestos antisentido que tienen partes antisentido de 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29 o 30 nucleótidos de longitud, o cualquier intervalo entremedias.

En otro aspecto, los compuestos oligoméricos de la presente divulgación también incluyen variantes en las que una

base diferente está presente en una o más de las posiciones de nucleótido en el compuesto. Por ejemplo, si el primer nucleótido es una adenosina, pueden producirse variantes que contienen timidina, guanosina o citidina en esta posición. Esto puede hacerse en cualquiera de las posiciones de los compuestos antisentido o de dsARN. Estos compuestos se ensayan entonces usando los procedimientos descritos en el presente documento para determinar su capacidad para inhibir la expresión de un ácido nucleico diana.

En un aspecto, la homología, identidad de secuencias o complementariedad, entre el compuesto antisentido y la diana, es de aproximadamente el 40 % a aproximadamente el 60 %. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 60 % a aproximadamente el 70 %. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 70 % a aproximadamente el 80 %. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 80% a aproximadamente el 90%. En algunos aspectos, la homología, identidad de secuencias o complementariedad es de aproximadamente el 90 %, aproximadamente el 92 %, aproximadamente el 94 %, aproximadamente el 95 %, aproximadamente el 96 %, aproximadamente el 97 %, aproximadamente el 98 %, aproximadamente el 99 % o aproximadamente el 100 %.

En otro aspecto, los oligonucleótidos antisentido, como, por ejemplo, las moléculas de ácidos nucleicos expuestas en las SEQ ID NO: 4 a 17 comprenden una o más sustituciones o modificaciones. En un aspecto, los nucleótidos están sustituidos con ácidos nucleicos bloqueados (LNA).

En otro aspecto, los oligonucleótidos se dirigen a una o más regiones de las moléculas de ácidos nucleicos sentido y/o antisentido de secuencias codificantes y/o no codificantes asociadas a un factor de reprogramación y las secuencias expuestas como SEQ ID NO: 1 a 3 y 4 a 6. Los oligonucleótidos también se dirigen a regiones solapantes de las SEQ ID NO: 1 a 3 y 4 a 6.

Ciertos oligonucleótidos de esta divulgación son oligonucleótidos quiméricos. "Oligonucleótidos quiméricos" o "quimeras", en el contexto de esta divulgación, son oligonucleótidos que contienen dos o más regiones químicamente distintas, cada una constituida por al menos un nucleótido. Estos oligonucleótidos normalmente contienen al menos una región de nucleótidos modificados que confiere una o más propiedades beneficiosas (tales como, por ejemplo, resistencia a nucleasas incrementada, captación en células incrementada, afinidad de unión por la diana incrementada) y una región que es un sustrato para enzimas capaces de escindir híbridos de ARN:ADN o ARN:ARN. A modo de ejemplo, la ARNasa H es una endonucleasa celular que escinde la cadena de ARN de un dúplex de ARN:ADN. La activación de ARNasa H, por lo tanto, produce la escisión del ARN diana, potenciando así enormemente la eficiencia de la modulación antisentido de la expresión génica. Por consiguiente, frecuentemente pueden obtenerse resultados comparables con oligonucleótidos más cortos cuando se usan oligonucleótidos quiméricos, en comparación con desoxi oligonucleótidos de fosforotioato que hibridan con la misma región diana. La escisión del ARN diana puede detectarse rutinariamente por electroforesis en gel y, si fuera necesario, técnicas de hibridación de ácidos nucleicos asociadas conocidas en la técnica. En un aspecto preferido, un oligonucleótido quimérico comprende al menos una región modificada para aumentar la afinidad de unión de la diana, y, normalmente, una región que actúa de sustrato para ARNasa H. La afinidad de un oligonucleótido por su diana (en este caso, un ácido nucleico que codifica ras) se determina rutinariamente midiendo la  $T_m$  de un par de oligonucleótido/diana, que es la temperatura a la que se disocian el oligonucleótido y la diana; la disociación se detecta espectrofotométricamente. Cuanto mayor sea la  $T_m$ , mayor será la afinidad del oligonucleótido por la diana.

Se pueden formar compuestos antisentido quiméricos de la divulgación como estructuras compuestas de dos o más oligonucleótidos, oligonucleótidos modificados, oligonucleósidos y/o miméticos de oligonucleótidos, tal como se ha descrito anteriormente. Como tales, estos compuestos también se han referido en la técnica como híbridos o gapmeros. Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de estas estructuras híbridas comprenden, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU con nos. 5,013,830; 5,149,797; 5,220,007; 5,256,775; 5,366,878; 5,403,711; 5,491,133; 5,565,350; 5,623,065; 5,652,355; 5,652,356; y 5,700,922.

En otro aspecto, la región del oligonucleótido que se modifica comprende al menos un nucleótido modificado en la posición 2' del azúcar, de la forma más preferente un nucleótido modificado con 2'-O-alquilo, 2'-O-alquil-O-alquilo o 2'-flúor. En otros aspectos preferidos, las modificaciones de ARN incluyen modificaciones de 2'-flúor, 2'-amino y 2'-O-metilo en la ribosa de pirimidinas, residuos abásicos o una base invertida en el extremo 3' del ARN. Dichas modificaciones se incorporan rutinariamente en oligonucleótidos y se ha demostrado que estos oligonucleótidos tienen una mayor  $T_m$  (es decir, mayor afinidad de unión a diana) que los 2'-desoxi oligonucleótidos contra una diana dada. El efecto de tal afinidad incrementada es potenciar enormemente la inhibición por oligonucleótidos de ARN de la expresión génica. La ARNasa H es una endonucleasa celular que escinde la cadena de ARN de los dúplex de ARN:ADN; por lo tanto, la activación de esta enzima produce la escisión del ARN diana, y de este modo puede

potenciar enormemente la eficiencia de inhibición de ARNi. La escisión del ARN diana puede demostrarse rutinariamente por electroforesis en gel. En otro aspecto preferido, el oligonucleótido quimérico también se modifica para potenciar la resistencia a nucleasas. Las células contienen diversas exo- y endo-nucleasas que pueden degradar ácidos nucleicos. Se ha demostrado que varias modificaciones de nucleótidos y nucleósidos hacen que el oligonucleótido en el que se incorporan sea más resistente a la digestión por nucleasa que el oligodesoxinucleótido nativo. La resistencia a nucleasas se mide rutinariamente incubando oligonucleótidos con extractos celulares o soluciones de nucleasa aisladas y midiendo el grado de oligonucleótido intacto que queda con el tiempo, normalmente por electroforesis en gel. Los oligonucleótidos que se han modificado para potenciar su resistencia a nucleasas sobreviven intactos durante más tiempo que los oligonucleótidos sin modificar. Se ha demostrado que diversas modificaciones de oligonucleótidos potencian o confieren resistencia a nucleasas. Los oligonucleótidos que contienen al menos una modificación de fosforotioato son actualmente más preferidos. En algunos casos, las modificaciones de oligonucleótidos que potencian la afinidad de unión a diana son, también, independientemente, capaces de potenciar la resistencia a nucleasas. Algunas modificaciones deseables pueden encontrarse en De Mesmaeker et al. (1995) *Acc. Chem. Res.*, 28:366-374.

Ejemplos específicos de algunos oligonucleótidos preferidos concebidos por esta divulgación incluyen aquellos que comprenden esqueletos modificados, por ejemplo, fosforotioatos, fosfotriésteres, metilfosfonatos, enlaces entre azúcares de alquilo o cicloalquilo de cadena corta o enlaces entre azúcares heteroatómicos o heterocíclicos de cadena corta. Los más preferidos son oligonucleótidos con esqueletos de fosforotioato y aquellos con esqueletos de heteroátomo, particularmente esqueletos de CH<sub>2</sub>--NH--O--CH<sub>2</sub>, CH<sub>2</sub>--N(CH<sub>3</sub>)--O--CH<sub>2</sub> [conocido como un esqueleto de metil(metilimino) o MMI], CH<sub>2</sub>--O--N(CH<sub>3</sub>)--CH<sub>2</sub>, CH<sub>2</sub>--N(CH<sub>3</sub>)--N(CH<sub>3</sub>)--CH<sub>2</sub> y O--N(CH<sub>3</sub>)--CH<sub>2</sub>--, donde el esqueleto de fosfodiéster nativo se representa como O--P--O--CH<sub>2</sub>. Los esqueletos de amida divulgados por De Mesmaeker et al. (1995) *Acc. Chem. Res.* 28:366-374 también se prefieren. También se prefieren oligonucleótidos que tienen esqueletos de morfolino (Summerton y Weller, patente de Estados Unidos, N.º 5,034,506). En otros aspectos preferidos, tal como el esqueleto de ácido nucleico peptídico (PNA), el esqueleto de fosfodiéster del oligonucleótido se sustituye por un esqueleto de poliamida, estando los nucleótidos unidos directamente o indirectamente a los átomos de nitrógeno azo del esqueleto de poliamida (Nielsen et al. (1991) *Science* 254, 1497). Los oligonucleótidos también pueden comprender uno o más restos de azúcar sustituidos. Oligonucleótidos preferidos comprenden uno de los siguientes en la posición 2': OH, SH, SCH<sub>3</sub>, F, OCN, OCH<sub>3</sub>, OCH<sub>3</sub>, O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>CH<sub>3</sub>, O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>NH<sub>2</sub> o O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>CH<sub>3</sub> en los que n es de 1 a aproximadamente 10; alquilo C1 a C10 inferior, alcoxicoxi, alquilo, alcarilo o aralquilo inferior sustituido; Cl; Br; CN; CF<sub>3</sub>; OCF<sub>3</sub>; O--, S--, o N-alquilo; O--, S--, o N-alqueno; SOCH<sub>3</sub>; SO<sub>2</sub>CH<sub>3</sub>; ONO<sub>2</sub>; NO<sub>2</sub>; N<sub>3</sub>; NH<sub>2</sub>; heterocicloalquilo; heterocicloalcarilo; aminoalquilamino; polialquilamino; sililo sustituido; un grupo de escisión de ARN; un grupo reportero; un intercalador; un grupo para mejorar las propiedades farmacocinéticas de un oligonucleótido; o un grupo para mejorar las propiedades farmacodinámicas de un oligonucleótido y otros sustituyentes que tienen propiedades similares. Una modificación preferida incluye 2'-metoxietoxi [2'-O-CH<sub>2</sub>CH<sub>2</sub>OCH<sub>3</sub>, también conocido como 2'-O-(2-metoxietilo)] (Martin et al., (1995) *Helv. Chim. Acta*, 78, 486). Otras modificaciones preferidas incluyen 2'-metoxi (2'-O--CH<sub>3</sub>), 2'-propoxi (2'-OCH<sub>2</sub>CH<sub>2</sub>CH<sub>3</sub>) y 2'-flúor (2'-F). También pueden hacerse modificaciones similares en otras posiciones sobre el oligonucleótido, particularmente la posición 3' del azúcar en el nucleótido del extremo 3' y la posición 5' del nucleótido del extremo 5'. Los oligonucleótidos también pueden tener miméticos de azúcar tales como ciclobutilos en lugar del grupo pentofuranosilo.

Los oligonucleótidos también pueden comprender, adicionalmente o como alternativa, modificaciones o sustituciones de nucleobases (frecuentemente denominadas en la técnica simplemente "base"). Tal como se usa en el presente documento, nucleótidos "no modificados" o "naturales" incluyen adenina (A), guanina (G), timina (T), citosina (C) y uracilo (U). Los nucleótidos modificados incluyen nucleótidos encontrados solo poco frecuentemente o transitoriamente en ácidos nucleicos naturales, por ejemplo, hipoxantina, 6-metiladenina, 5-Me-pirimidinas, particularmente 5-metilcitosina (también denominada 5-metil-2'-desoxicitosina y frecuentemente denominada en la técnica 5-Me-C), 5-hidroximetilcitosina (HMC), glicosil HMC y gentobiosil HMC, además de nucleótidos sintéticos, por ejemplo, 2-aminoadenina, 2-(metilamino)adenina, 2-(imidazolilalquil)adenina, 2-(aminoalquilamino)adenina u otras alquiladeninas heterosustituidas, 2-tiouracilo, 2-tiotimina, 5-bromouracilo, 5-hidroximetiluracilo, 8-azaguanina, 7-deazaguanina, N<sub>6</sub>(6-aminoheptil)adenina y 2,6-diaminopurina. (Kornberg, A., *DNA Replication*, W. H. Freeman & Co., San Francisco, 1980, pp75-77; Gebeyehu, G., (1987) et al. *Nucl. Acids Res.* 15:4513). Puede incluirse una base "universal" conocida en la técnica, por ejemplo, inosina. Se ha mostrado que las sustituciones de 5-Me-C incrementan la estabilidad dúplex del ácido nucleico alrededor de 0,6-1,2 °C. (Sanghvi, Y. S., en Croke, S. T. y Lebleu, B., eds., *Antisense Research and Applications*, CRC Press, Boca Raton, 1993, pp. 276-278) y actualmente son las sustituciones base preferidas.

Otra modificación de los oligonucleótidos de la divulgación implica enlazar químicamente al oligonucleótido uno o más restos o conjugados que potencian la actividad o captación celular del oligonucleótido. Dichos restos

comprenden, aunque no se limitan a, restos de lípido tales como un resto colesterol, un resto de colesterilo, un tioéter, por ejemplo, hexil-S-tritilitol, un tiocolesterol, una cadena alifática, por ejemplo, residuos de dodecanodiol o undecilo, un fosfolípido, por ejemplo, di-hexadecil-rac-glicerol o 1,2-di-O-hexadecil-rac-glicero-3-H-fosfonato de trietilamonio, una poliamina o una cadena de polietilenglicol, o ácido adamantano acético. Los oligonucleótidos que comprenden restos lipófilos, y procedimientos para preparar dichos oligonucleótidos, son conocidos en la técnica, por ejemplo, las patentes de Estados Unidos, N.º 5,138,045, 5,218,105 y 5,459,255.

No es necesario que todas las posiciones en un oligonucleótido dado estén uniformemente modificadas, y de hecho más de una de las modificaciones mencionadas anteriormente puede incorporarse en un único oligonucleótido o incluso dentro de un único nucleósido dentro de un oligonucleótido. La presente divulgación también incluye oligonucleótidos que son oligonucleótidos quiméricos, tal como se ha definido anteriormente en el presente documento.

En otro aspecto, la molécula de ácido nucleico de la presente divulgación está conjugada con otro resto que incluye, aunque no se limita a, nucleótidos abásicos, poliéter, poliamina, poliamidas, péptidos, hidratos de carbono, lípido, o compuestos de polihidrocarburo. Los expertos en la materia reconocerán que estas moléculas pueden enlazarse a uno o más de cualquiera de los nucleótidos que comprenden la molécula de ácido nucleico en varias posiciones en el azúcar, base o grupo fosfato.

Los oligonucleótidos usados de acuerdo con esta divulgación pueden prepararse cómoda y rutinariamente mediante la técnica muy conocida de síntesis en fase sólida. Equipo para dichas síntesis es comercializado por varios proveedores que incluyen Applied Biosystems. También puede emplearse cualquier otro medio para dicha síntesis; la síntesis real de los oligonucleótidos está perfectamente dentro de las aptitudes de un experto en la materia. También es muy conocido usar técnicas similares para preparar otros oligonucleótidos tales como fosforotioatos y derivados alquilados. También es muy conocido usar técnicas similares y amiditos modificados disponibles en el mercado y productos de vidrio de poro controlado (CPG) tales como biotina, fluoresceína, acridina o amiditos modificados con psoraleno y/o CPG (disponible de Glen Research, Sterling VA) para sintetizar oligonucleótidos marcados de forma fluorescente, biotinilados u otros oligonucleótidos modificados tales como oligonucleótidos modificados con colesterol.

De acuerdo con la divulgación, el uso de modificaciones tales como el uso de monómeros de LNA para potenciar la potencia, especificidad y duración de la acción y ampliar las vías de administración de oligonucleótidos comprende químicas actuales tales como MOE, ANA, FANA, PS, etc. (Uhlman, et al. (2000) Current Opinions in Drug Discovery & Development Vol. 3 N.º 2). Esto puede lograrse sustituyendo algunos de los monómeros en los presentes oligonucleótidos por monómeros de LNA. El oligonucleótido modificado con LNA puede tener un tamaño similar al compuesto parental o puede ser más grande o preferentemente más pequeño. Se prefiere que dichas oligonucleótidos modificados con LNA contengan menos de aproximadamente el 70 %, más preferentemente menos de aproximadamente el 60 %, de la manera más preferente menos de aproximadamente el 50 % de monómeros de LNA y que sus tamaños estén entre aproximadamente 5 y 25 nucleótidos, más preferentemente entre aproximadamente 12 y 20 nucleótidos.

Esqueletos de oligonucleótidos modificados comprenden, aunque no se limitan a, fosforotioatos, fosforotioatos quirales, fosforoditioatos, fosfotriésteres, aminoalquilfosfotriésteres, metil y otros alquil fosfonatos que comprenden 3'-alquilenfosfonatos y fosfonatos quirales, fosfinatos, fosforamidatos que comprenden 3'-amino fosforamidato y aminoalquilfosforamidatos, tionofosforamidatos, tionoalquilfosfonatos, tionoalquilfosfotriésteres y boranofosfatos que tienen enlaces 3'-5' normales, análogos enlazados en 2'-5' de estos, y aquellos que tienen polaridad invertida, donde los pares adyacentes de unidades de nucleósidos están enlazados 3'-5' a 5'-3' o 2'-5' a 5'-2'. También se incluyen diversas sales, sales mixtas y formas de ácido libre.

Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de los enlaces anteriores que contienen fósforo comprenden, pero no se limitan a, las Patentes de Estados Unidos N.º 3,687,808; 4,469,863; 4,476,301; 5,023,243; 5,177,196; 5,188,897; 5,264,423; 5,276,019; 5,278,302; 5,286,717; 5,321,131; 5,399,676; 5,405,939; 5,453,496; 5,455,233; 5,466,677; 5,476,925; 5,519,126; 5,536,821; 5,541,306; 5,550,111; 5,563,253; 5,571,799; 5,587,361; y 5,625,050.

Esqueletos de oligonucleótido modificados que no incluyen un átomo de fósforo en ellos tienen esqueletos que se forman por enlaces internucleosídicos de alquilo o cicloalquilo de cadena corta, enlaces internucleosídicos de heteroátomo y alquilo o cicloalquilo mixtos, o uno o más enlaces internucleosídicos heteroatómicos o heterocíclicos de cadena corta. Estos comprenden aquellos que tienen enlaces morfolino (formados en parte a partir de la parte de azúcar de un nucleósido); esqueletos de siloxano; esqueletos de sulfuro, sulfóxido y sulfona; esqueletos de

formacetilo y tioformacetilo; esqueletos de metilenformacetilo y tioformacetilo; esqueletos que contienen alqueno; esqueletos de sulfamato; esqueletos de metilnimino y metilhidrazino; esqueletos de sulfonato y sulfonamida; esqueletos de amida; y otros que tienen partes de componentes de N, O, S y CH<sub>2</sub> mixtos.

5 Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de los oligonucleósidos comprenden, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU. N.º 5,034,506; 5,166,315; 5,185,444; 5,214,134; 5,216,141; 5,235,033; 5,264,562; 5,264,564; 5,405,938; 5,434,257; 5,466,677; 5,470,967; 5,489,677; 5,541,307; 5,561,225; 5,596,086; 5,602,240; 5,610,289; 5,602,240; 5,608,046; 5,610,289; 5,618,704; 5,623,070; 5,663,312; 5,633,360; 5,677,437; y 5,677,439.

10 En otros miméticos de oligonucleótidos, tanto el azúcar como el enlace internucleosídico, es decir, el esqueleto, de las unidades de nucleótido se sustituyen por grupos novedosos. Las unidades de base se mantienen para la hibridación con un compuesto de ácido nucleico diana apropiado. Dicho compuesto oligomérico, un oligonucleótido mimético que se ha demostrado que tiene excelentes propiedades de hibridación, se denomina ácido nucleico peptídico (PNA). En compuestos de PNA, el esqueleto de azúcar de un oligonucleótido se sustituye por un esqueleto que contiene amida, en particular un esqueleto de aminoetilglicina. Las nucleobases son retenidas y se unen directamente o indirectamente a átomos de nitrógeno azo de la parte de amida del esqueleto. Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de compuestos PNA comprenden, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU. N.º 5,539,082; 5,714,331; y 5,719,262. Enseñanzas adicionales de compuestos de PNA pueden encontrarse en Nielsen, et al. (1991) Science 254, 1497-1500.

15 En otro aspecto de la divulgación, los oligonucleótidos con esqueletos de fosforotioato y oligonucleósidos con esqueletos de heteroátomo, y en particular -CH<sub>2</sub>-NH-O-CH<sub>2</sub>-, -CH<sub>2</sub>-N(CH<sub>3</sub>)-O-CH<sub>2</sub>-, conocidos como un esqueleto de metileno (metilimino) o MMI, -CH<sub>2</sub>-O-N(CH<sub>3</sub>)-CH<sub>2</sub>-, -CH<sub>2</sub>N(CH<sub>3</sub>)-N(CH<sub>3</sub>)CH<sub>2</sub>- y -O-N(CH<sub>3</sub>)-CH<sub>2</sub>-CH<sub>2</sub>- donde el esqueleto de fosfodiéster nativo se representa como -O-P-O-CH<sub>2</sub>- de la patente de EE.UU. N.º 5,489,677, citada anteriormente, y los esqueletos de amida de la patente de EE.UU. N.º 5,602,240, citada anteriormente. También se prefieren oligonucleótidos que tienen esqueletos de morfolino de la patente de EE.UU. N.º 5,034,506 citada anteriormente.

25 Los oligonucleótidos modificados también pueden contener uno o más restos de azúcar sustituidos. Oligonucleótidos preferidos comprenden uno de los siguientes en la posición 2': OH; F; O-, S- o N-alquilo; O-, S-, o N-alqueno; O-, S- o N-alquino; o O-alquil-O-alquilo, donde el alquilo, alqueno y alquino pueden ser alquilo C a CO sustituido o sin sustituir o alqueno y alquino C2 a CO. Se prefieren particularmente O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub> OmCH<sub>3</sub>, O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>, OCH<sub>3</sub>, O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>NH<sub>2</sub>, O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>CH<sub>3</sub>, O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>ONH<sub>2</sub> y O(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>ON(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>CH<sub>3</sub>)<sub>2</sub> en las que n y m pueden ser de 1 a aproximadamente 10. Otros oligonucleótidos preferidos comprenden uno de los siguientes en la posición 2': C a CO, (alquilo inferior, alquilo inferior sustituido, alcarilo, aralquilo, O-alcarilo o O-aralquilo, SH, SCH<sub>3</sub>, OCN, Cl, Br, CN, CF<sub>3</sub>, OCF<sub>3</sub>, SOCH<sub>3</sub>, SO<sub>2</sub>CH<sub>3</sub>, ONO<sub>2</sub>, NO<sub>2</sub>, N<sub>3</sub>, NH<sub>2</sub>, heterocicloalquilo, heterocicloalcarilo, aminoalquilamino, polialquilamino, sililo sustituido, un grupo de escisión de ARN, un grupo indicador, un intercalador, un grupo para mejorar las propiedades farmacocinéticas de un oligonucleótido, o un grupo para mejorar las propiedades farmacodinámicas de un oligonucleótido, y otros sustituyentes que tienen propiedades similares. Una modificación preferida comprende 2'-metoxietoxi (2'-O-CH<sub>2</sub>CH<sub>2</sub>OCH<sub>3</sub>, también conocido como 2'-O-(2-metoxietilo) o 2'-MOE) (Martin et al., (1995) Helv. Chim. Acta, 78, 486-504) por ejemplo, un grupo alcoxialcoxi. Otra modificación preferida comprende 2'-dimetilaminooxietoxi, es decir, un grupo O(CH<sub>2</sub>)<sub>2</sub>ON(CH<sub>3</sub>)<sub>2</sub>, también conocido como 2'-DMAOE, tal como se describe en los ejemplos en el presente documento más adelante, y 2'-dimetilaminoetoxietoxi (también conocido en la técnica como 2'-O-dimetilaminoetoxietilo o 2'-DMAEOE), es decir, 2'-O-CH<sub>2</sub>-O-CH<sub>2</sub>-N(CH<sub>2</sub>)<sub>2</sub>..

30 Otras modificaciones comprenden 2'-metoxi (2'-OCH<sub>3</sub>), 2'-aminopropoxi (2'-OCH<sub>2</sub>CH<sub>2</sub>CH<sub>2</sub>NH<sub>2</sub>) y 2'-fluro (2'-F). También pueden hacerse modificaciones similares en otras posiciones en el oligonucleótido, particularmente la posición 3' del azúcar en el nucleótido del extremo 3' o en oligonucleótidos enlazados 2'-5' y la posición 5' del nucleótido del extremo 5'. Los oligonucleótidos también pueden tener miméticos de azúcar tales como restos ciclobutilo en lugar del azúcar pentofuranosilo. Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de dichas estructuras de azúcar modificadas comprenden, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU. N.º 4,981,957; 5,118,800; 5,319,080; 5,359,044; 5,393,878; 5,446,137; 5,466,786; 5,514,785; 5,519,134; 5,567,811; 5,576,427; 5,591,722; 5,597,909; 5,610,300; 5,627,053; 5,639,873; 5,646,265; 5,658,873; 5,670,633; y 5,700,920.

35 Los oligonucleótidos también pueden comprender modificaciones o sustituciones de nucleobases (frecuentemente denominadas en la técnica simplemente "base"). Tal como se usa en el presente documento, nucleótidos "no modificados" o "naturales" comprenden las bases de purina adenina (A) y guanina (G), y las bases de pirimidina timina (T), citosina (C) y uracilo (U). Los nucleótidos modificados comprenden otros nucleótidos sintéticos y naturales

tales como 5-metilcitosina (5-me-C), 5-hidroximetilcitosina, xantina, hipoxantina, 2-aminoadenina, derivados de 6-metilo y otros derivados de alquilo de adenina y guanina, derivados de 2-propilo y otros derivados de alquilo de adenina y guanina, 2-tiouracilo, 2-tiotimina y 2-tiocitosina, 5-halouracilo y citosina, 5-propiniluracilo y citosina, 6-azouracilo, citosina y timina, 5-uracilo (pseudo-uracilo), 4-tiouracilo, 8-halógeno, 8-amino, 8-tiol, 8-tioalquilo, 8-hidroxilo y otras adeninas y guaninas sustituidas en 8, 5-halógeno, particularmente 5-bromo, 5-trifluorometilo y otros uracilos y citosinas sustituidos en 5, 7-metilguanina y 7-metiladenina, 8-azaguanina y 8-azaadenina, 7-deazaguanina y 7-deazaadenina y 3-deazaguanina y 3-deazaadenina.

Además, los nucleótidos comprenden los divulgados en la patente de Estados Unidos N.º 3,687,808, aquellos divulgados en "The Concise Encyclopedia of Polymer Science And Engineering", páginas 858-859, Kroschwitz, J.I., ed. John Wiley & Sons, 1990, aquellos divulgados por Englisch et al., "Angewandte Chemie, International Edition", 1991, 30, página 613, y aquellos divulgados por Sanghvi, Y.S., Capítulo 15, "Antisense Research and Applications", páginas 289-302, Croke, S.T. y Lebleu, B. ea., CRC Press, 1993. Algunos de estos nucleótidos son particularmente útiles para incrementar la afinidad de unión de los compuestos oligoméricos de la divulgación. Estos comprenden pirimidinas 5-sustituidas, 6-azapirimidinas y purinas sustituidas en N-2, N-6 y O-6, que comprenden 2-aminopropiladenina, 5-propiniluracilo y 5-propinilcitosina. Se ha mostrado que las sustituciones de 5-metilcitosina incrementan la estabilidad del dúplex de ácido nucleico alrededor de 0,6-1,2°C. (Sanghvi, Y. S., in Croke, S. T. y Lebleu, B., eds., Antisense Research and Applications, CRC Press, Boca Raton, 1993, pp. 276-278) y actualmente son las sustituciones base preferidas, de manera aún más particular cuando se combinan con modificaciones de azúcar de 2'-Ometoxietilo.

Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de los nucleótidos modificados citados anteriormente, así como otros nucleótidos modificados, comprenden, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU. N.º 3,687,808, así como 4,845,205; 5,130,302; 5,134,066; 5,175,273; 5,367,066; 5,432,272; 5,457,187; 5,459,255; 5,484,908; 5,502,177; 5,525,711; 5,552,540; 5,587,469; 5,596,091; 5,614,617; 5,750,692, y 5,681,941.

Otra modificación de los oligonucleótidos de la divulgación implica enlazar químicamente al oligonucleótido uno o más restos o conjugados, que potencian la actividad, distribución celular o captación celular del oligonucleótido

Dichos restos comprenden, aunque no se limitan a, restos de lípido tales como un resto de colesterol, ácido cólico, un tioéter, por ejemplo, hexil-S-tritilol(Manoharan et al., (1992) Ann. N. Y. Acad. Sci., 660, 306-309; Manoharan et al., (1993) Bioorg. Med. Chem. Let., 3, 2765-2770), un tiocolesterol, una cadena alifática, por ejemplo, residuos de dodecandiol o undecil, un fosfolípido, por ejemplo, di-hexadecil-rac-glicerol o 1,2-di-O-hexadecil-rac-glicero-3-H-fosfonato de trietilamonio, una poliamina o una cadena de polietilenglicol, o ácido adamantano acético, un resto palmitilo, o un resto octadecilamina o hexilamino-carbonil-t oxicolesterol.

Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de estos conjugados de oligonucleótidos comprenden, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU N.º 4,828,979; 4,948,882; 5,218,105; 5,525,465; 5,541,313; 5,545,730; 5,552, 538; 5,578,717, 5,580,731; 5,580,731; 5,591,584; 5,109,124; 5,118,802; 5,138,045; 5,414,077; 5,486,603; 5,512,439; 5,578,718; 5,608,046; 4,587,044; 4,605,735; 4,667,025; 4,762,779; 4,789,737; 4,824,941; 4,835,263; 4,876,335; 4,904,582; 4,958,013; 5,082,830; 5,112,963; 5,214,136; 5,082,830; 5,112,963; 5,214,136; 5,245,022; 5,254,469; 5,258,506; 5,262,536; 5,272,250; 5,292,873; 5,317,098; 5,371,241; 5,391, 723; 5,416,203, 5,451,463; 5,510,475; 5,512,667; 5,514,785; 5,565,552; 5,567,810; 5,574,142; 5,585,481; 5,587,371; 5,595,726; 5,597,696; 5,599,923; 5,599, 928 y 5,688,941.

Los compuestos de la presente divulgación también pueden aplicarse en las áreas del descubrimiento de fármacos y validación de dianas. La presente divulgación comprende el uso de los compuestos y segmentos diana preferidos e identificados en el presente documento en un esfuerzo por descubrir fármacos para esclarecer las relaciones que existen entre un polinucleótido de un factor de reprogramación y una patología, fenotipo o afección. Estos procedimientos incluyen detectar o modular un polinucleótido de un factor de reprogramación que comprende poner en contacto una muestra, tejido, célula u organismo con los compuestos de la presente divulgación, medir el nivel de ácido nucleico o de proteína del polinucleótido del factor de reprogramación y/o un criterio de valoración fenotípico o químico relacionado en algún momento después del tratamiento, y opcionalmente comparar el valor medido con una muestra no tratada o muestra tratada con otro compuesto de la divulgación. Estos procedimientos también pueden realizarse en paralelo o en combinación con otros experimentos para determinar la función de genes desconocidos para el proceso de validación de dianas o para determinar la validez de un producto génico particular como diana para el tratamiento o prevención de una enfermedad, afección o fenotipo particular.

***Evaluación de la regulación positiva o inhibición de la expresión génica:***

La transferencia de un ácido nucleico exógeno a una célula u organismo huésped puede evaluarse detectando directamente la presencia del ácido nucleico en la célula u organismo. Dicha detección puede lograrse mediante varios procedimientos bien conocidos en la técnica. Por ejemplo, la presencia del ácido nucleico exógeno puede detectarse por Southern blot o por una técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) usando cebadores que amplifican específicamente secuencias de nucleótidos asociadas al ácido nucleico. La expresión de los ácidos nucleicos exógenos también puede medirse usando procedimientos convencionales que incluyen análisis de expresión génica. Por ejemplo, el ARNm producido a partir de un ácido nucleico exógeno puede detectarse y cuantificarse usando una Northern blot y PCR con transcripción inversa (RT-PCR).

La expresión de ARN del ácido nucleico exógeno también puede detectarse midiendo una actividad enzimática o una actividad de proteína reportera. Por ejemplo, puede medirse la actividad moduladora antisentido indirectamente como una disminución o aumento en la expresión de ácido nucleico diana como una indicación de que el ácido nucleico exógeno está produciendo el ARN efector. Basándose en conservación de secuencias, pueden diseñarse cebadores y usarse para amplificar regiones codificantes de los genes diana. Inicialmente, la región codificante más altamente expresada de cada gen puede usarse para construir un gen de control modelo, aunque puede usarse cualquier región codificante o no codificante. Cada gen de control se ensambla insertando cada región codificante entre una región codificante reportera y su señal de poli(A). Estos plásmidos producirían un ARNm con un gen indicador en la parte cadena arriba del gen y una posible diana de ARNi en la región no codificante 3'. La eficacia de oligonucleótidos antisentido individuales se ensayaría por modulación del gen indicador. Los genes indicadores útiles en los procedimientos de la presente divulgación incluyen acetohidroxiácido sintasa (AHAS), fosfatasa alcalina (AP), beta-galactosidasa (LacZ), beta-glucuronidasa (GUS), cloranfenicol acetiltransferasa (CAT), proteína verde fluorescente (GFP), proteína roja fluorescente (RFP), proteína amarilla fluorescente (YFP), proteína cian fluorescente (CFP), peroxidasa de rábano picante (HRP), luciferasa (Luc), nopalina sintasa (NOS), octopina sintasa (OCS), y derivados de los mismos. Están disponibles múltiples marcadores de selección que confieren resistencia a ampicilina, bleomicina, cloranfenicol, gentamicina, higromicina, kanamicina, lincomicina, metotrexato, fosfotricina, puromicina y tetraciclina. Los procedimientos de determinación de la modulación de un gen indicador son muy conocidos en la técnica, e incluyen, aunque no se limitan a, procedimientos fluorimétricos (por ejemplo, espectroscopía de fluorescencia, clasificación celular activada por fluorescencia (FACS), microscopía de fluorescencia), determinación de la resistencia a antibióticos.

La expresión de las proteínas y del ARNm de Sox2, KLF4, y POU5F1 se pueden valorar usando procedimientos conocidos por los expertos en la materia y descritos en otra parte en el presente documento. Por ejemplo, pueden usarse inmunoensayos como ELISA para medir los niveles de proteína. Anticuerpos contra factores de reprogramación para ELISA están comercialmente disponibles, por ejemplo, de R&D Systems (Minneapolis, MN), Abcam, Cambridge, MA.

En unos aspectos, la expresión de los genes Sox2, KLF4, y POU5F1 (p. ej. ARNm o proteína) en una muestra (p. ej., células o tejidos in vivo or in vitro) tratados con un oligonucleótido antisentido de la divulgación se evalúan por comparación con la expresión de un factor de reprogramación en una muestra de control. Por ejemplo, la expresión de la proteína o del ácido nucleico puede compararse usando procedimientos conocidos por los expertos en la técnica, con una muestra tratada de forma simulada y sin tratar. De forma alternativa, puede hacerse una comparación con una muestra tratada con un oligonucleótido antisentido control (p. ej., uno que tenga una secuencia modificada o diferente) dependiendo de la información deseada. En otro aspecto, una diferencia en la expresión de la proteína de un factor de reprogramación o su ácido nucleico en una muestra tratada frente a una muestra sin tratar puede compararse con la diferencia en la expresión de un ácido nucleico diferente (incluyendo cualquier estándar que el investigador considere apropiado, p. ej., un gen de mantenimiento) en una muestra tratada frente a una muestra sin tratar.

Las diferencias observadas pueden expresarse como se desee, p. ej., en forma de proporción o fracción, para su uso en comparación con un control. En unos aspectos, el nivel de ARNm o proteína de un factor de reprogramación, en una muestra tratada con un oligonucleótido antisentido de la presente divulgación, aumenta o disminuye entre aproximadamente 1,25 veces a unas 10 veces o más en relación con una muestra sin tratar o una muestra tratada con un ácido nucleico de control. En unos aspectos, el nivel de ARNm o proteína de un factor de reprogramación aumenta o disminuye en al menos aproximadamente 1,25 veces, al menos aproximadamente 1,3 veces, al menos aproximadamente 1,4 veces, al menos aproximadamente 1,5 veces, al menos aproximadamente 1,6 veces, al menos aproximadamente 1,7 veces, al menos aproximadamente 1,8 veces, al menos aproximadamente 2 veces, al menos aproximadamente 2,5 veces, al menos aproximadamente 3 veces, al menos aproximadamente 3,5 veces, al menos aproximadamente 4 veces, al menos aproximadamente 4,5 veces, al menos aproximadamente 5 veces, al menos aproximadamente 5,5 veces, al menos aproximadamente 6 veces, al menos aproximadamente 6,5 veces, al menos aproximadamente 7 veces, al menos aproximadamente 7,5 veces, al menos aproximadamente 8 veces, al



menos aproximadamente 8,5 veces, al menos aproximadamente 9 veces, al menos aproximadamente 9,5 veces, o al menos aproximadamente 10 veces o más.

**Kits, reactivos de investigación, de diagnóstico y terapéuticos**

Los compuestos de la presente divulgación pueden utilizarse para diagnóstico, agentes terapéuticos y profilaxis, y como reactivos de investigación y componentes de kits. Además, los oligonucleótidos antisentido, que son capaces de inhibir la expresión génica con exquisita especificidad, son usados frecuentemente por los expertos en la materia para aclarar la función de genes particulares o para distinguir entre funciones de diversos miembros de una vía biológica.

Para su uso en kits y diagnósticos y en diversos sistemas biológicos, los compuestos de la presente divulgación, tanto solos como en combinación con otros compuestos o terapéuticos, son útiles como herramientas en análisis diferenciales y/o combinatorios para aclarar patrones de expresión de una parte o de todo el complemento de genes expresados dentro de células y tejidos.

Tal como se usa en el presente documento, la expresión "sistema biológico" o "sistema" se define como cualquier organismo, célula, cultivo celular o tejido que expresa, o se ha hecho competente para expresar productos de los factores de reprogramación. Éstos incluyen, aunque no se limitan a, seres humanos, animales transgénicos, células, cultivos celulares, tejidos, xenoinjertos, trasplantes y combinaciones de los mismos.

Como un ejemplo no limitante, patrones de expresión dentro de células o tejidos tratados con uno o más compuestos antisentido se comparan con células o tejidos de control no tratados con compuestos antisentido y los patrones producidos se analizan para niveles diferenciales de expresión génica, ya que están relacionados, por ejemplo, con asociación de enfermedad, vía de señalización, localización celular, nivel de expresión, tamaño, estructura o función de los genes examinados. Estos análisis pueden realizarse en células estimuladas o sin estimular y en presencia o ausencia de otros compuestos que afectan los patrones de expresión.

Los ejemplos de procedimientos de análisis de la expresión génica conocidos en la técnica incluyen matrices o micromatrices de ADN, (Brazma y Vilo, (2000) FEBS Lett., 480, 17-24; Celis, et al., (2000) FEBS Lett., 480, 2-16), SAGE (análisis en serie de expresión génica) (Madden, et al., (2000) Drug Discov. Today, 5, 415- 425), READS (amplificación por enzimas de restricción de los ADNc digeridos) (Prashar and Weissman, (1999) Methods Enzymol., 303, 258-72), TOGA (análisis de expresión génica total) (Sutcliffe, et al., (2000) Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU., 97, 1976-81), matrices de proteínas y proteómicos (Celis, et al., (2000) FEBS Lett., 480, 2-16; Jungblut, et al., Electrophoresis, 1999, 20, 2100-10), secuenciación de marca de secuencia expresada (EST) (Celis, et al., FEBS Lett., 2000, 480, 2-16; Larsson, et al., J. Biotechnol., 2000, 80, 143-57), huella de ADN sustractiva (SuRF) (Fuchs, et al., (2000) Anal. Biochem. 286, 91-98; Larson, et al., (2000) Cytometry 41, 203-208), clonación sustractiva, presentación diferencial (DD) (Jurecic y Belmont, (2000) Curr. Opin. Microbiol. 3, 316-21), hibridación genómica comparativa (Carulli, et al., (1998) J. Cell Biochem. Suppl., 31, 286-96), técnicas de FISH (hibridación in situ fluorescente) (Going y Gusterson, (1999) Eur. J. Cancer, 35, 1895-904) y procedimientos de espectrometría de masas (To, Comb. (2000) Chem. High Throughput Screen, 3, 235-41).

Los compuestos de la divulgación son útiles para investigación y diagnóstico, debido a que estos compuestos hibridan con ácidos nucleicos que codifican un factor de reprogramación. Por ejemplo, los oligonucleótidos que hibridan con dicha eficiencia y en dichas condiciones que se han descrito en el presente documento como moduladores de factores de reprogramación eficaces son cebadores o sondas eficaces en condiciones que favorecen la amplificación génica o detección, respectivamente. Estos cebadores y sondas son útiles en procedimientos que requieren la detección específica de moléculas de ácidos nucleicos que codifican un factor de reprogramación y en la amplificación de dichas moléculas de ácidos nucleicos para la detección o para su uso en estudios adicionales de un factor de reprogramación. La hibridación de los oligonucleótidos antisentido, particularmente los cebadores y sondas de la divulgación con un ácido nucleico que codifica un factor de reprogramación, puede detectarse por medios conocidos en la técnica. Dichos medios pueden comprender conjugación de una enzima con el oligonucleótido, radiomarcado del oligonucleótido, o cualquier otro medio de detección adecuado. También pueden prepararse kits que usan dichos medios de detección para detectar el nivel de un factor de reprogramación en una muestra.

La especificidad y sensibilidad de antisentido también son empleadas por los expertos en la materia para usos terapéuticos. Se han empleado oligonucleótidos antisentido como restos terapéuticos en el tratamiento de patologías en animales, que incluyen seres humanos. Los fármacos de oligonucleótido antisentido se han administrado con seguridad y eficazmente a seres humanos y numerosos ensayos clínicos están actualmente en marcha. De este

modo, se establece que los compuestos antisentido pueden ser modalidades terapéuticas útiles que pueden configurarse para ser útiles en regímenes de tratamiento para el tratamiento de células, tejidos y animales, especialmente seres humanos.

- 5 Para fines terapéuticos, se trata a un animal, preferentemente un ser humano, del que se sospecha que tiene una enfermedad o trastorno que pueda tratarse modulando la expresión de un factor de reprogramación, administrando compuestos antisentido de acuerdo con esta divulgación. Por ejemplo, en un aspecto no limitante, los procedimientos comprenden la etapa de administrar al animal que necesita tratamiento una cantidad terapéuticamente eficaz del modulador de un factor de reprogramación. Los moduladores de factores de reprogramación de la presente divulgación modulan de manera efectiva la actividad de un factor de reprogramación o modulan la expresión de la proteína de un factor de reprogramación. En un aspecto, la actividad o expresión de un factor de reprogramación en un animal se inhibe aproximadamente el 10 % en comparación con un control. Preferentemente, la actividad o expresión de un factor de reprogramación en un animal se inhibe aproximadamente el 30 %. Más preferentemente, la actividad o expresión de un factor de reprogramación en un animal se inhibe el 50 % o más. De este modo, los compuestos oligoméricos modulan la expresión del ARNm de un factor de reprogramación al menos el 10 %, al menos el 50 %, al menos el 25 %, al menos el 30 %, al menos el 40 %, al menos el 50 %, al menos el 60 %, al menos el 70 %, al menos el 75 %, al menos el 80 %, al menos el 85 %, al menos el 90 %, al menos el 95 %, al menos el 98 %, al menos el 99 %, o el 100 % en comparación con un control.
- 10
- 15
- 20 En un aspecto, la actividad o expresión de un factor de reprogramación en un animal aumenta aproximadamente el 10 % en comparación con un control. Preferentemente, la actividad o expresión de un factor de reprogramación en un animal aumenta aproximadamente el 30 %. Más preferentemente, la actividad o expresión de un factor de reprogramación en un animal aumenta el 50 % o más. De este modo, los compuestos oligoméricos modulan la expresión del ARNm de un factor de reprogramación al menos el 10 %, al menos el 50 %, al menos el 25 %, al menos el 30 %, al menos el 40 %, al menos el 50 %, al menos el 60 %, al menos el 70 %, al menos el 75 %, al menos el 80 %, al menos el 85 %, al menos el 90 %, al menos el 95 %, al menos el 98 %, al menos el 99 %, o el 100 % en comparación con un control.
- 25

30 La reducción de la expresión de un factor de reprogramación puede medirse, por ejemplo, en suero, sangre, tejido adiposo, hígado o cualquier otro líquido corporal, tejido u órgano del animal. Preferentemente, las células contenidas dentro de dichos líquidos, tejidos u órganos que se analizan contienen una molécula de ácido nucleico que codifica péptidos de un factor de reprogramación y/o la propia proteína del factor de reprogramación.

35 Los compuestos de la divulgación pueden utilizarse en composiciones farmacéuticas añadiendo una cantidad eficaz de un compuesto a un diluyente o vehículo farmacéuticamente aceptable adecuado. El uso de los compuestos y procedimientos de la divulgación también pueden ser útiles profilácticamente.

### **Conjugados**

- 40 Otra modificación de los oligonucleótidos de la divulgación implica enlazar químicamente al oligonucleótido uno o más restos o conjugados, que potencian la actividad, distribución celular o captación celular del oligonucleótido. Estos restos o conjugados pueden comprender grupos conjugados covalentemente unidos a grupos funcionales tales como grupos hidroxilo primarios o secundarios. Los grupos conjugados de la divulgación incluyen intercaladores, moléculas de genes indicadores, poliaminas, poliamidas, polietilenglicoles, poliéteres, grupos que potencian las propiedades farmacodinámicas de oligómeros, y grupos que potencian las propiedades farmacocinéticas de oligómeros. Grupos conjugados típicos incluyen colesterol, lípidos, fosfolípidos, biotina, fenazina, folato, fenantridina, antraquinona, acridina, fluoresceínas, rodaminas, cumarinas et alorantes. Grupos que potencian las propiedades farmacodinámicas, en el contexto de esta divulgación, incluyen grupos que mejoran la captación, potencian la resistencia a la degradación y/o fortalecen la hibridación específica de secuencia con el ácido nucleico diana. Grupos que potencian las propiedades farmacocinéticas, en el contexto de esta divulgación, incluyen grupos que mejoran la captación, distribución, metabolismo o eliminación de los compuestos de la presente divulgación. Grupos conjugados representativos se describen en la solicitud de patente internacional n.º PCT/LTS92/09196, depositada el 23 de octubre de 1992, y la patente de EE.UU. , N.º 6,287,860. Restos conjugados incluyen, aunque no se limitan a, restos de lípido tales como un resto colesterol, ácido cólico, un tioéter, por ejemplo, hexil-5-tritilol, un tiocolésterol, una cadena alifática, por ejemplo, residuos de dodecanodiol o undecilo, un fosfolípido, por ejemplo, di-hexadecil-rac-glicerol o 1,2-di-O-hexadecil-rac-glicero-3-H-fosfonato de trietilamonio, una poliamina o una cadena de polietilenglicol, o ácido adamantano acético, un resto palmitilo, o un resto octadecilamina o hexilamino-carbonil-oxicolesterol. Los oligonucleótidos de la divulgación también pueden conjugarse con principios activos, por ejemplo, aspirina, warfarina, fenilbutazona, ibuprofeno, suprofen, fenbufeno, ketoprofeno, (S)-(+)-pranoprofeno, carprofeno, dansilsarcosina, ácido 2,3,5-triyodobenzoico, ácido flufenámico, ácido
- 45
- 50
- 55
- 60

folínico, una benzotiadiazida, clorotiazida, una diazepina, indometacina, un barbitúrico, una cefalosporina, un fármaco sulfa, un antidiabético, un antibacteriano o un antibiótico.

5 Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de estos conjugados de oligonucleótidos incluyen, pero no se limitan a, las Patentes de los EE.UU. , N.º 4,828,979; 4,948,882; 5,218,105; 5,525,465; 5,541,313; 5,545,730; 5,552,538; 5,578,717; 5,580,731; 5,580,731; 5,591,584; 5,109,124; 5,118,802; 5,138,045; 5,414,077; 5,486,603; 5,512,439; 5,578,718; 5,608,046; 4,587,044; 4,605,735; 4,667,025; 4,762,779; 4,789,737; 4,824,941; 4,835,263; 4,876,335; 4,904,582; 4,958,013; 5,082,830; 5,112,963; 5,214,136; 5,082,830; 5,112,963; 5,214,136; 5,245,022; 5,254,469; 5,258,506; 5,262,536; 5,272,250; 5,292,873; 5,317,098; 5,371,241, 10 5,391,723; 5,416,203; 5,451,463; 5,510,475; 5,512,667; 5,514,785; 5,565,552; 5,567,810; 5,574,142; 5,585,481; 5,587,371; 5,595,726; 5,597,696; 5,599,923; 5,599,928 y 5,688,941.

### **Formulaciones**

15 Los compuestos de la divulgación también pueden mezclarse, encapsularse, conjugarse o asociarse de otro modo a otras moléculas, estructuras de molécula o mezclas de compuestos, como, por ejemplo, liposomas, moléculas dirigidas a receptor, formulaciones orales, rectales, tópicas u otras, para ayudar en la captación, distribución y/o absorción. Las patentes representativas de los Estados Unidos que enseñan la preparación de estas formulaciones de ayuda en la captación, distribución y/o absorción incluyen, pero no se limitan a, las patentes de los EE.UU. , N.º 20 5,108,921; 5,354,844; 5,416,016; 5,459,127; 5,521,291; 5,543,165; 5,547,932; 5,583,020; 5,591,721; 4,426,330; 4,534,899; 5,013,556; 5,108,921; 5,213,804; 5,227,170; 5,264,221; 5,356,633; 5,395,619; 5,416,016; 5,417,978; 5,462,854; 5,469,854; 5,512,295; 5,527,528; 5,534,259; 5,543,152; 5,556,948; 5,580,575; y 5,595,756.

25 Aunque los oligonucleótidos antisentido no necesitan administrarse en el contexto de un vector con el fin de modular la expresión y/o función de una diana, aspectos de la divulgación se refieren a construcciones de vector de expresión para la expresión de oligonucleótidos antisentido, que comprenden promotores, secuencias de genes promotores híbridos y poseen una fuerte actividad promotora constitutiva, o una actividad promotora que puede inducirse en el caso deseado.

30 En un aspecto, la práctica de la divulgación implica administrar al menos uno de los oligonucleótidos antisentido anteriores con un sistema de administración de ácidos nucleicos adecuado. En un aspecto, ese sistema incluye un vector no viral enlazado operativamente al polinucleótido. Ejemplos de dichos vectores no virales incluyen el oligonucleótido solo (por ejemplo, una cualquiera o más de las SEQ ID NO: 7 a 17) o en combinación con una formulación de proteína, polisacárido o lípido adecuada.

35 Sistemas de administración de ácidos nucleicos adecuados adicionales incluyen vector viral, normalmente secuencia de al menos uno de un adenovirus, virus asociado a adenovirus (AAV), adenovirus dependiente de cooperador, retrovirus, o complejo de virus hemaglutinante de Japón-liposoma (HVJ). Preferentemente, el vector viral comprende un promotor de eucariota fuerte operativamente enlazado al polinucleótido, por ejemplo, un promotor del citomegalovirus (CMV). 40

45 Vectores preferidos adicionales incluyen vectores virales, proteínas de fusión y conjugados químicos. Los vectores retrovirales incluyen virus de la leucemia murina de Moloney y virus basados en el HIV. Un vector viral basado en el HIV preferido comprende al menos dos vectores en los que los genes gag y pol son de un genoma del HIV y el gen env es de otro virus. Se prefieren vectores virales de ADN. Estos vectores incluyen vectores de pox tales como vectores de ortopox o avipox, vectores del virus del herpes tales como un vector del virus del herpes simple I (HSV) [Geller, A.I. et al., (1995) J. Neurochem, 64: 487; Lim, F., et al., en DNA Cloning: Mammalian Systems, D. Glover, Ed. (Oxford Univ. Press, Oxford England) (1995); Geller, A.I. et al., (1993) Proc Natl. Acad. Sci.:U.S.A.:90 7603; Geller, A.I., et al., (1990) Proc Natl. Acad. Sci USA: 87:1149], Adenovirus Vectors (LeGal LaSalle et al., 50 Science, 259:988 (1993); Davidson, et al., (1993) Nat. genet. 3: 219; Yang, et al., (1995) J. Virol. 69: 2004) y Vectores de Virus Adeno-asociados (Kaplitt, M.G., et al., (1994) Nat. Genet. 8:148).

55 Los compuestos antisentido de la divulgación engloban cualquier sal, éster o sal de dichos ésteres farmacéuticamente aceptables, o cualquier otro compuesto que, tras la administración a un animal, que incluye un ser humano, es capaz de proporcionar (directa o indirectamente) el metabolito biológicamente activo o residuo del mismo.

60 La expresión "sales farmacéuticamente aceptables" se refiere a sales fisiológicamente y farmacéuticamente aceptables de los compuestos de la divulgación: es decir, sales que retienen la actividad biológica deseada del compuesto parental y no confieren efectos toxicológicos no deseados al mismo. Para oligonucleótidos, ejemplos

preferidos de sales farmacéuticamente aceptables y sus usos se describen adicionalmente en la patente de Estados Unidos , N.º 6,287,860.

5 La presente divulgación también incluye composiciones y formulaciones farmacéuticas que incluyen los compuestos antisentido de la divulgación. Las composiciones farmacéuticas de la presente divulgación pueden administrarse en varias formas que dependen de si se desea tratamiento local o sistémico y del área que va a tratarse. La administración puede ser tópica (incluyendo oftálmica y a membranas mucosas que incluyen administración vaginal y rectal), pulmonar, por ejemplo, por inhalación o insuflación de polvos o aerosoles, que incluye por nebulizador; 10 intratraqueal, intranasal, epidérmica y transdérmica), oral o parenteral. La administración parenteral incluye inyección o infusión intravenosa, intraarterial, subcutánea, intraperitoneal o intramuscular; o administración intracraneal, por ejemplo, intratecal o intraventricular.

15 Para el tratamiento de los tejidos en el sistema nervioso central, la administración puede realizarse, p. ej., por inyección o perfusión en el líquido cefalorraquídeo. La administración de ARN antisentido en el líquido cefalorraquídeo se describe, p. ej., en la solicitud de patente de EE.UU., N.º 2007/0117772, "Methods for slowing familial ALS disease progression".

20 Cuando lo que se pretende es que los oligonucleótidos antisentido de la presente divulgación pueden administrarse a células del sistema nervioso central, la administración puede ser con uno o más agentes capaces de facilitar la penetración de los oligonucleótidos antisentido a través de la barrera hematoencefálica del sujeto. La inyección puede realizarse, por ejemplo, en la corteza entorrinal o en el hipocampo. La aplicación de factores neurotróficos mediante la administración de un vector adenovirus en las neuronas motoras del tejido muscular se describe en, por ejemplo, la patente de EE.UU., N.º 6,632,427, "Adenoviral-vector-mediated gene transfer into medullary motor neurons". La aplicación de vectores directamente al cerebro, p. ej., el cuerpo estriado, el tálamo, el hipocampo, o la 25 sustancia negra es conocida en la técnica y se describe, p. ej., en la patente de EE.UU., N.º 6,756,523, "Adenovirus vectors for the transfer of foreign genes into cells of the central nervous system particularly in brain".

La administración puede ser rápida como por inyección o realizarse a lo largo de un período de tiempo ya sea por perfusión lenta o mediante la administración de formulaciones de liberación lenta.

30 El oligonucleótidos antisentido sujeto también pueden unirse o conjugarse con agentes que proporcionen unas propiedades farmacéuticas o farmacodinámicas deseables. Por ejemplo, el oligonucleótido antisentido puede acoplarse a cualquier sustancia, conocida en la técnica por favorecer la penetración o el transporte a través de la barrera hematoencefálica, como un anticuerpo contra el receptor de la transferrina, y administrarse por inyección 35 intravenosa. El compuesto antisentido puede unirse a un vector viral, por ejemplo, que hace que el compuesto antisentido resulte más eficaz y/o aumente el transporte del compuesto antisentido a través de la barrera hematoencefálica. La alteración de la barrera hematoencefálica osmótica también puede llevarse a cabo mediante perfusión, p. ej. de azúcares incluyendo, pero sin limitarse a, mesoeritritol, xilitol, D(+)-galactosa, D(+)-lactosa, D(+)-xilosa, dulcitol, mioinositol, L(-)-fructosa, D(-)-manitol, D(+)-glucosa, D(+)-arabinosa, D(-)-arabinosa, celobiosa, D(+)-maltosa, D(+)-rafinosa, L(+)-ramnosa, D(+)-melibiosa, D(-)-ribosa, adonitol, D(+)-arabitol, L(-)-arabitol, D(+)-fucosa, 40 L(-)-fucosa, D(-)-lixosa, L(+)-lixosa y L(-)-lixosa o aminoácidos, incluyendo, pero sin limitarse a, glutamina, lisina, arginina, asparagina, cisteína, ácido aspártico, ácido glutámico, glicina, histidina, leucina, metionina, fenilalanina, prolina, serina, treonina, Valina, tirosina y taurina. Los procedimientos y materiales para aumentar la penetración en la barrera hematoencefálica se describen, p. ej., en las patentes de EE.UU., N.º 4,866,042, "Method for the delivery of genetic material across the blood brain barrier,"6.294.520, "Material for passage through the blood-brain barrier," 45 y6,936,589, "Parenteral delivery systems,".

50 Los compuestos antisentido sujetos también pueden mezclarse, encapsularse, conjugarse o asociarse de otro modo a otras moléculas, estructuras de molécula o mezclas de compuestos, como, por ejemplo, liposomas, moléculas dirigidas a receptor, formulaciones orales, rectales, tópica u otras, para ayudar en la captación, distribución y/o absorción. Por ejemplo, pueden incluirse lípidos catiónicos en la formulación para facilitar la absorción de oligonucleótidos. Una de dichas composiciones que se ha demostrado que facilita la absorción es LIPOFECTIN (disponible en GIBCO BRL, Bethesda, MD).

55 Se cree que los oligonucleótidos con al menos una modificación de 2'-O-metoxietilo son particularmente útiles para administración por vía oral. Composiciones y formulaciones farmacéuticas para administración tópica pueden comprender parches transdérmicos, pomadas, lociones, cremas, geles, gotas, supositorios, espráis, líquidos y polvos. Pueden ser necesarios o deseables vehículos farmacéuticos convencionales, bases acuosas, en polvo o aceitosas, espesantes y similares. También pueden ser útiles preservativos recubiertos, guantes y similares.

60

5 Las formulaciones farmacéuticas de la presente divulgación, que pueden presentarse convenientemente en forma de dosificación unitaria, pueden prepararse de acuerdo con técnicas convencionales muy conocidas en la industria farmacéutica. Dichas técnicas incluyen la etapa de poner en asociación los principios activos con el (los) vehículo(s) farmacéutico(s) o excipiente(s). En general, las formulaciones se preparan poniendo en asociación uniforme e íntimamente los principios activos con vehículos líquidos o vehículos sólidos finamente divididos, o ambos, y luego, si fuera necesario, moldeando el producto.

10 Las composiciones de la presente divulgación pueden formularse en cualquiera de muchas formas de dosificación posibles tales como, aunque no se limitan a, comprimidos, cápsulas, cápsulas de gel, jarabes líquidos, geles blandos, supositorios y enemas. Las composiciones de la presente divulgación también pueden formularse como suspensiones en medios acuosos, no acuosos o mixtos. Las suspensiones acuosas pueden contener adicionalmente sustancias que aumentan la viscosidad de la suspensión que incluyen, por ejemplo, carboximetilcelulosa sódica, sorbitol y/o dextrano. La suspensión también puede contener estabilizantes.

15 Las composiciones farmacéuticas de la presente divulgación incluyen, aunque no se limitan a, soluciones, emulsiones, espumas y formulaciones que contienen liposomas. Las composiciones y formulaciones farmacéuticas de la presente divulgación pueden comprender uno o más potenciadores de la penetración, vehículos, excipientes u otros principios activos o inactivos.

20 Las emulsiones normalmente son sistemas heterogéneos de un líquido dispersado en otro en forma de gotitas que normalmente superan 0,1  $\mu$ m de diámetro. Las emulsiones pueden contener componentes adicionales, además de las fases dispersas, y el fármaco activo que puede estar presente como una solución en o bien la fase acuosa, fase oleosa o bien él mismo como una fase independiente. Las microemulsiones están incluidas como un aspecto de la presente divulgación. Las emulsiones y sus usos son muy conocidos en la técnica y se describen adicionalmente en 25 la patente de Estados Unidos, N.º 6,287,860.

30 Formulaciones de la presente divulgación incluyen formulaciones liposomales. Tal como se usa en la presente divulgación, el término "liposoma" significa una vesícula compuesta por lípidos anfífilos dispuestos en una bicapa o bicapas esféricas. Los liposomas son vesículas unilaminares o multilaminares que tienen una membrana formada por un material lipófilo y un interior acuoso que contiene la composición que va a administrarse. Los liposomas catiónicos son liposomas positivamente cargados que se cree que interactúan con moléculas de ADN negativamente cargadas para formar un complejo estable. Se cree que los liposomas que son sensibles al pH o están cargados negativamente atrapan el ADN en vez de complejarse con él. Se han usado tanto liposomas catiónicos como no 35 catiónicos para administrar ADN a células.

Los liposomas también incluyen liposomas "estéricamente estabilizados", una expresión que, tal como se usa en el presente documento, se refiere a liposomas que comprenden uno o más lípidos especializados. Cuando se incorporan en liposomas, estos lípidos especializados producen liposomas con vidas en circulación mejoradas con respecto a los liposomas que carecen de dichos lípidos especializados. Ejemplos de liposomas estéricamente 40 estabilizados son aquellos en los que parte de la parte de lípido formado de vesícula del liposoma comprende uno o más glucolípidos o se derivatiza con uno o más polímeros hidrófilos, tales como un resto de polietilenglicol (PEG). Los liposomas y sus usos se describen adicionalmente en la patente de Estados Unidos, No. 6,287,860.

45 Las formulaciones y composiciones farmacéuticas de la presente divulgación también pueden comprender tensioactivos. El uso de tensioactivos en medicamentos, formulaciones y en emulsiones es muy conocido en la técnica. Los agentes tensioactivos y sus usos se describen adicionalmente en la patente de EE.UU., N.º 6,287,860.

50 En un aspecto, la presente divulgación emplea diversos potenciadores de la penetración para efectuar la administración eficiente de ácidos nucleicos, particularmente oligonucleótidos. Además de ayudar en la difusión de fármacos no lipófilos a través de membranas celulares, los potenciadores de la penetración también potencian la permeabilidad de fármacos lipófilos. Los potenciadores de la penetración pueden clasificarse como pertenecientes a una de cinco amplias categorías, es decir, tensioactivos, ácidos grasos, sales biliares, agentes quelantes y no tensioactivos no quelantes. Los mejoradores de penetración y sus usos se describen adicionalmente en la patente de EE.UU., N.º 6,287,860. 55

Un experto en la materia reconocerá que las formulaciones se diseñan rutinariamente según su uso previsto, es decir, su vía de administración.

60 Formulaciones preferidas para administración tópica incluyen aquellas en las que los oligonucleótidos de la divulgación están en mezcla con un agente de administración tópica tal como lípidos, liposomas, ácidos grasos,

ésteres de ácidos grasos, esteroides, agentes quelantes y tensioactivos. Lípidos y liposomas preferidos incluyen neutros (por ejemplo, dioleoil-fosfatidiletanolamina DOPE, dimiristoilfosfatidilcolina DMPC, diestearoilfosfatidilcolina) negativos (por ejemplo, dimiristoilfosfatidilglicerol DMPG) y catiónicos (por ejemplo, dioleoil-tetrametilaminopropilo DOTAP y dioleoil-fosfatidiletanolamina DOTMA).

5 Para administración tópica u otra, los oligonucleótidos de la divulgación pueden encapsularse dentro de liposomas o pueden formar complejos con los mismos, en particular con liposomas catiónicos. Como alternativa, los oligonucleótidos pueden estar complejados con lípidos, en particular con lípidos catiónicos. Ácidos grasos y ésteres preferidos, sales farmacéuticamente aceptables de los mismos, y sus usos se describen adicionalmente en la patente de Estados Unidos, N.º 6,287,860.

10 Las composiciones y formulaciones para administración por vía oral incluyen polvos o gránulos, micropartículas, nanopartículas, suspensiones o soluciones en agua o medios no acuosos, cápsulas, cápsulas de gel, sobres, comprimidos o minicomprimidos. Pueden ser deseables espesantes, aromatizantes, diluyentes, emulsionantes, adyuvantes de dispersión o aglutinantes. Formulaciones orales preferidas son aquellas en las que los oligonucleótidos de la divulgación se administran conjuntamente con uno o más potenciadores de la penetración, tensioactivos y quelantes. Tensioactivos preferidos incluyen ácidos grasos y/o ésteres o sales de los mismos, ácidos biliares y/o sales de los mismos. Ácidos biliares/sales y ácidos grasos preferidos y sus usos se describen adicionalmente en la patente de Estados Unidos, N.º 6,287,860. También se prefieren combinaciones de potenciadores de la penetración, por ejemplo, ácidos grasos/sales en combinación con ácidos biliares/sales. Una combinación particularmente preferida es la sal de sodio de ácido láurico, ácido cáprico y UDCA. Potenciadores de la penetración adicionales incluyen éter polioxietileno-9-laurílico, éter polioxietileno-20-cetílico. Los oligonucleótidos de la divulgación pueden administrarse por vía oral, en forma granulada que incluye partículas secadas por pulverización, o complejados para formar micro o nanopartículas. Los agentes complejantes de oligonucleótidos y sus usos se describen adicionalmente en la patente de Estados Unidos, N.º 6,287,860.

15 Las composiciones y formulaciones para administración parenteral, intratecal o intraventricular pueden comprender soluciones acuosas estériles que también pueden contener tampones, diluyentes y otros aditivos adecuados tales como, aunque no se limitan a, potenciadores de la penetración, compuestos portadores y otros vehículos o excipientes farmacéuticamente aceptables

20 Ciertos aspectos de la divulgación proporcionan composiciones farmacéuticas que contienen uno o más compuestos oligoméricos y uno o más de otros agentes quimioterapéuticos que funcionan por un mecanismo no antisentido. Ejemplos de dichos agentes quimioterapéuticos incluyen, aunque no se limitan a, fármacos quimioterapéuticos para el cáncer tales como daunorrubicina, daunomicina, dactinomicina, doxorubicina, epirubicina, idarrubicina, esorubicina, bleomicina, mafosfamida, ifosfamida, citosina arabinósido, biscloroetil-nitrosurea, busulfano, mitomicina C, actinomicina D, mitramicina, prednisona, hidroxiprogesterona, testosterona, tamoxifeno, dacarbazina, procarbazona, hexametilmelamina, pentametilmelamina, mitoxantrona, amsacrina, clorambucilo, metilciclohexilnitrosurea, mostazas de nitrógeno, melfalan, ciclofosfamida, 6-mercaptopurina, 6-tioguanina, citarabina, 5-azacitidina, hidroxiurea, desoxicoformicina, 4-hidroxiperóxido-ciclofosforamida, 5-fluorouracilo (5-FU), 5-fluorodesoxiuridina (5-FUdR), metotrexato (MTX), colchicina, taxol, vincristina, vinblastina, etopósido (VP-16), trimetrexato, irinotecán, topotecán, gemcitabina, tenipósido, cisplatino y dietilestilbestrol (DES). Cuando se usan con los compuestos de la divulgación, dichos agentes quimioterapéuticos pueden usarse individualmente (por ejemplo, 5-FU y oligonucleótido), secuencialmente (por ejemplo, 5-FU y oligonucleótido durante un periodo de tiempo seguido de MTX y oligonucleótido), o en combinación con uno o más de otros de dichos agentes quimioterapéuticos (por ejemplo, 5-FU, MTX y oligonucleótido, o 5-FU, radioterapia y oligonucleótido). Fármacos antiinflamatorios, que incluyen, aunque no se limitan a, fármacos antiinflamatorios no esteroideos y corticosteroides, y fármacos antivirales, que incluyen, aunque no se limitan a, ribivirina, vidarabina, aciclovir y ganciclovir, también pueden combinarse en composiciones de la divulgación. Las combinaciones de compuestos antisentido y otros fármacos no antisentido también están dentro del alcance de la presente divulgación. Pueden usarse dos o más compuestos combinados juntos o secuencialmente.

25 En otro aspecto relacionado, las composiciones de la divulgación pueden contener uno o más compuestos antisentido, particularmente oligonucleótidos, dirigidos a un primer ácido nucleico y uno o más compuestos antisentido adicionales dirigidos a un segundo ácido nucleico diana. Por ejemplo, la primera diana puede ser una secuencia antisentido particular de un factor de reprogramación, y la segunda diana puede ser una región de otra secuencia de nucleótidos. Como alternativa, las composiciones de la divulgación pueden contener dos o más compuestos antisentido dirigidos a diferentes regiones del mismo ácido nucleico diana del factor de reprogramación. Se ilustran numerosos ejemplos de compuestos antisentido en el presente documento y otros pueden seleccionarse de entre compuestos adecuados conocidos en la técnica. Pueden usarse dos o más compuestos combinados juntos

o secuencialmente.

**Dosificación:**

5 Se cree que la formulación de composiciones terapéuticas y su posterior administración (dosificación) están dentro de la experiencia de los expertos en la materia. La dosificación depende de la gravedad y sensibilidad de la patología que va a tratarse, durando el ciclo de tratamiento de varios días a varios meses, o hasta que se efectúe una cura o se logre una disminución de la patología. Pueden calcularse programas de dosificación óptimos a partir de mediciones de acumulación de fármaco en el cuerpo del paciente. Los expertos pueden determinar fácilmente dosificaciones óptimas, metodologías de dosificación y tasas de repetición. Las dosificaciones óptimas pueden variar dependiendo de la potencia relativa de oligonucleótidos individuales, y generalmente pueden estimarse basándose en las CE50 que se ha descubierto que son eficaces en modelos animales in vitro e in vivo. En general, la dosificación es de 0,01 □g a 100 g por kg de peso corporal, y puede administrarse una vez o más diariamente, semanalmente, mensualmente o anualmente, o incluso una vez cada 2 a 20 años. Los expertos en la materia pueden estimar fácilmente tasas de repetición para la dosificación basándose en tiempos de residencia medidos y concentraciones del fármaco en fluidos corporales o tejidos. Tras el tratamiento satisfactorio, puede desearse que el paciente reciba terapia de mantenimiento para prevenir la reaparición de la patología, en el que el oligonucleótido se administra en dosis de mantenimiento, que oscilan de 0,01 □g a 100 g por kg de peso corporal, una vez o más diariamente, a una vez cada 20 años.

20 En aspectos, un paciente se trata con una dosificación de fármaco que es al menos aproximadamente 1, al menos aproximadamente 2, al menos aproximadamente 3, al menos aproximadamente 4, al menos aproximadamente 5, al menos aproximadamente 6, al menos aproximadamente 7, al menos aproximadamente 8, al menos aproximadamente 9, al menos aproximadamente 10, al menos aproximadamente 15, al menos aproximadamente 20, al menos aproximadamente 25, al menos aproximadamente 30, al menos aproximadamente 35, al menos aproximadamente 40, al menos aproximadamente 45, al menos aproximadamente 50, al menos aproximadamente 60, al menos aproximadamente 70, al menos aproximadamente 80, al menos aproximadamente 90, o al menos aproximadamente 100 mg/kg de peso corporal. Ciertas dosis inyectadas de oligonucleótidos antisentido se describen, p. ej., en la patente de EE.UU., N.º 7,563,884, "Antisense modulation of PTP1B expression".

30 Aunque diversos aspectos de la presente divulgación se han descrito anteriormente, debe entenderse que se han presentado a modo de ejemplo solamente, y no de limitación. Pueden realizarse numerosos cambios a los aspectos descritos de acuerdo con la divulgación en el presente documento sin alejarse del espíritu o alcance de la divulgación. Por lo tanto, la amplitud y el alcance de la presente divulgación no deben estar limitados por ninguno de los aspectos descritos anteriormente.

35 Por su citación de diversas referencias en este documento, los solicitantes no admiten que ninguna referencia particular sea "técnica anterior" a su invención. Realizaciones de composiciones y procedimientos inventivos se ilustran en los siguientes ejemplos.

40 **EJEMPLOS**

Los siguientes ejemplos no limitantes sirven para ilustrar realizaciones seleccionadas de la invención. Se apreciará que variaciones en proporciones y alternativas en elementos de los componentes mostrados serán evidentes para los expertos en la materia y están dentro del alcance de aspectos de la presente divulgación.

45 **Ejemplo 1: Diseño de oligonucleótidos antisentido específicos para una molécula de ácido nucleico antisentido a un factor de reprogramación ly/o una hebra sentido del polinucleótido de un factor de reprogramación**

50 Tal como se ha indicado anteriormente, la expresión "oligonucleótido específico para" o "dianas de oligonucleótido" se refiere a un oligonucleótido que tiene una secuencia (i) capaz de formar un complejo estable con una parte del gen elegido como diana, o (ii) capaz de formar un dúplex estable con una parte de un transcrito de ARNm del gen elegido como diana.

55 La selección de los oligonucleótidos apropiados se facilita usando programas informáticos que alinean automáticamente secuencias de ácido nucleico e indican regiones de identidad u homología. Dichos programas se usan para comparar secuencias de ácidos nucleicos obtenidas, por ejemplo, buscando en bases de datos tales como GenBank o secuenciando productos de PCR. La comparación de secuencias de ácidos nucleicos de un intervalo de especies permite la selección de secuencias de ácidos nucleicos que muestran un grado de identidad

60

apropiado entre especies. En el caso de genes que no han sido secuenciados, se realizan Southern blots para permitir una determinación del grado de identidad entre genes en especies diana y otras especies. Realizando Southern blots a grados de astringencia variables, tal como es muy conocido en la técnica, es posible obtener una medida aproximada de la identidad. Estos procedimientos permiten la selección de oligonucleótidos que muestran un alto grado de complementariedad con secuencias de ácido nucleico diana en un sujeto a controlar y un menor grado de complementariedad con secuencias de ácido nucleico correspondientes en otras especies. Un experto en la materia se dará cuenta de que hay libertad considerable en la selección de regiones apropiadas de genes para su uso en la presente divulgación.

5 Un compuesto antisentido es "específicamente hibridable" cuando la unión del compuesto al ácido nucleico diana interfiere en la función normal del ácido nucleico diana para causar una modulación de la función y/o la actividad, y existe un grado de complementariedad suficiente para evitar unión inespecífica del compuesto antisentido a secuencias de ácido nucleico no diana en condiciones en las que se desea unión específica, es decir, en condiciones fisiológicas en el caso de ensayos in vivo o tratamiento terapéutico, y en condiciones en las que se realizan ensayos en el caso de ensayos in vitro.

10 Las propiedades de hibridación de los oligonucleótidos descritos en el presente documento pueden determinarse por uno o más ensayos in vitro, tal como se conoce en la técnica. Por ejemplo, las propiedades de los oligonucleótidos descritos en el presente documento pueden obtenerse por determinación de la intensidad de unión entre el antisentido natural diana y una posible molécula de fármaco usando el ensayo de la curva de fusión.

15 La intensidad de unión entre el antisentido natural diana y una posible molécula de fármaco (Molécula) puede estimarse usando cualquiera de los procedimientos establecidos de medición de la intensidad de interacciones intermoleculares, por ejemplo, un ensayo de la curva de fusión.

20 El ensayo de la curva de fusión determina la temperatura a la que se produce una rápida transición de conformación bicatenaria a monocatenaria para el complejo de antisentido natural/molécula. Esta temperatura es ampliamente aceptada como una medida fiable de la intensidad de interacción entre las dos moléculas.

25 Puede realizarse un ensayo de la curva de fusión usando una copia de ADNc de la molécula de ARN antisentido natural real o un nucleótido de ADN o ARN sintético correspondiente al sitio de unión de la molécula. Están disponibles múltiples kits que contienen todos los reactivos necesarios para realizar este ensayo (por ejemplo, kit MeltDoctor de Applied Biosystems Inc.). Estos kits incluyen una solución tampón adecuada que contiene uno de los colorantes de unión a ADN bicatenario (dsADN) (tales como los colorantes ABI HRM, SYBR Green, SYTO, etc.). Las propiedades de los colorantes de dsADN son tales que casi no emiten fluorescencia en forma libre, pero son altamente fluorescentes cuando se unen a dsADN.

30 Para realizar el ensayo, el ADNc o un oligonucleótido correspondiente se mezclan con la molécula en concentraciones definidas por los protocolos del fabricante particulares. La mezcla se calienta a 95 °C para disociar todos los complejos de dsADN previamente formados, luego se enfría lentamente a temperatura ambiente u otra temperatura menor definida por el fabricante del kit para permitir que se hibriden las moléculas de ADN. Entonces, los complejos recientemente formados se calientan lentamente a 95 °C con recopilación de datos continua simultánea sobre la cantidad de fluorescencia que se produce por la reacción. La intensidad de fluorescencia es inversamente proporcional a las cantidades de dsADN presentes en la reacción. Los datos pueden recogerse usando un instrumento de PCR en tiempo real compatible con el kit (por ejemplo, sistema de PCR en tiempo real StepOne Plus de ABI o el instrumento LightTyper, Roche Diagnostics, Lewes, Reino Unido).

35 Los picos de fusión se construyen representando la derivada negativa de la fluorescencia con respecto a la temperatura ( $-d(\text{Fluorescencia})/dT$ ) sobre el eje y) contra la temperatura (eje x) usando software apropiado (por ejemplo, LightTyper (Roche) o SDS Dissociation Curve, ABI). Los datos se analizan para identificar la temperatura de la rápida transición del complejo de dsADN a moléculas monocatenarias. Esta temperatura se llama  $T_m$  y es directamente proporcional a la intensidad de la interacción entre las dos moléculas. Normalmente, la  $T_m$  superará los 40 °C.

55 ***Ejemplo 2: Modulación de un polinucleótido de un factor de reprogramación Tratamiento de células HepG2 con oligonucleótidos antisentido***

Se cultivaron células HepG2 de ATCC (N.º de cat HB-8065) en medio de cultivo (MEM/EBSS (Hyclone N.º de cat SH30024, o Mediatech N.º de cat MT-10-010-CV) +10 % FBS (Mediatech N.º de cat MT35- 011-CV)+ penicilina/estreptomycin (Mediatech N.º de cat MT30-002-CI)) a 37 °C y el 5 % de CO<sub>2</sub>. Un día antes del



experimento, las células volvieron a sembrarse a la densidad de  $1,5 \times 10^5$ /ml en placas de 6 pocillos y se incubaron a 37 °C y el 5 % de CO<sub>2</sub>. El día del experimento, el medio en las placas de 6 pocillos se cambió a medio de cultivo fresco. Todos los oligonucleótidos antisentido se diluyeron a la concentración de 20 μM. Se incubaron dos μl de esta solución con 400 μl de medio Opti-MEM (Gibco, n° de cat 31985-070) y 4 μl de Lipofectamine 2000 (Invitrogen, n° de cat 11668019) a temperatura ambiente durante 20 min y se aplicaron a cada pocillo de las placas de 6 pocillos con células HepG2. Se usó una mezcla similar que incluye 2 μl de agua en lugar de la solución de oligonucleótido para los controles transfectados con vector simulado. Después de 3-18 horas de incubación a 37 °C y con el 5 % de CO<sub>2</sub>, el medio se cambió a medio fresco de crecimiento. 48 h después de la adición de oligonucleótidos antisentido, el medio se eliminó y se extrajo ARN de las células usando el sistema de aislamiento de ARN total SV de Promega (N.º de cat Z3105) o el kit de aislamiento de ARN total RNeasy de Qiagen (N.º de cat 74181) siguiendo las instrucciones del fabricante. Se añadieron 600 ng de ARN a la reacción de transcripción inversa realizada usando el kit de ADNc Verso de Thermo Scientific (n° de cat AB1453B) o el kit High Capacity cDNA Reverse Transcription (n° de cat 4368813) tal como se describe en el protocolo del fabricante. El ADNc de esta reacción de transcripción inversa se usó para monitorizar la expresión génica por PCR en tiempo real usando la mezcla de expresión génica Taqman de ABI (n° de cat 4369510) y cebadores/sondas diseñados por ABI (ensayo de expresión génica Taqman de Applied Biosystems: Hs00602736\_s1, Hs00358836\_m1, Hs03005111\_g1 de Applied Biosystems Inc., Foster City CA). Se usó el siguiente ciclo de PCR: 50°C durante 2 min, 95 °C durante 10 min, 40 ciclos de (95 °C durante 15 segundos, 60 °C durante 1 min) usando el termociclador Mx4000 (Stratagene).

El cambio de veces en la expresión génica después del tratamiento con oligonucleótidos antisentido se calculó basándose en la diferente de valores de dCt normalizados contra 18S entre las muestras tratadas y las transfectadas de forma simulada.

### Resultados

Los resultados de PCR en tiempo real muestran que los niveles de ARNm de SOX2 en células HepG2 se incrementan significativamente 48 h después del tratamiento con dos de los siRNA diseñados para AI885646 antisentido de SOX2 (Fig 1A).

Los resultados de PCR en tiempo real muestran que los niveles de ARNm de KLF4 en células HepG2 se incrementan significativamente 48 h después del tratamiento con dos de los oligonucleótidos diseñados para KLF4 antisentido. (Fig 1B).

Los resultados de PCR en tiempo real muestran que los niveles de ARNm de POU5F1 en células HepG2 se incrementan significativamente 48 h después del tratamiento con un oligonucleótido antisentido al antisentido natural de POU5F1 AI926793 (Fig. 1C).

Además, aunque se ha descrito una característica particular de la divulgación con respecto a solo una de varias implementaciones, dicha característica puede combinarse con una o más de otras características de las otras implementaciones, ya que puede desearse y ser ventajoso para cualquier aplicación dada o particular.

El resumen de la divulgación permitirá al lector determinar rápidamente la naturaleza de la divulgación técnica. Ésta se presenta con la comprensión de que no se usará para interpretar o limitar el alcance o el significado de las siguientes reivindicaciones.

### LISTA DE SECUENCIAS

<110> CuRNA, Inc.

<120> TRATAMIENTO DE ENFERMEDADES RELACIONADAS CON FACTORES DE REPROGRAMACIÓN MEDIANTE INHIBICIÓN DEL TRANSCRITO ANTISENTIDO NATURAL A UN FACTOR DE REPROGRAMACIÓN

<130> SOX2

<150> 61/179,056

<151> 18/05/2009

<150> 61/286,852

<151> 16/12/2009

<150> 61/233,996

<151> 14/08/2009

<160> 17

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

ES 2 664 590 T3

<211> 2518  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 1

5

```

ctattaactt gttcaaaaaa gtatcaggag ttgtcaaggc agagaagaga gtgtttgcaa      60
aagggggaaa gtagtttgct gcctctttaa gactaggact gagagaaaga agaggagaga      120
gaaagaaagg gagagaagtt tgagccccag gcttaagcct ttccaaaaaa taataataac      180
aatcatcggc ggcggcagga tcggccagag gaggagggaa gcgctttttt tgatcctgat      240
tccagtttgc ctctctcttt ttttccccca aattattctt cgcctgattt tcctcgcgga      300
gccctgcgct cccgacaccc ccgcccgect cccctcctcc tctccccccg cccgcggggc      360
ccccaaagtc ccggccgggc cgagggtcgg cggccgcccg cgggcccggc ccgcgcacag      420
cgcccgcgatg tacaacatga tggagacgga gctgaagccg ccgggcccgc agcaaacttc      480
ggggggcggc ggcggcaact ccaccgcggc ggcggccggc ggcaaccaga aaaacagccc      540
ggaccgcgtc aagcggccca tgaatgcctt catggtgtgg tcccgcgggc agcggcgcaa      600
gatggcccag gagaaccca agatgcacaa ctcggagatc agcaagcgc tgggcgccga      660
gtggaactt ttgtcggaga cggagaagcg gccgttcac gacgaggcta agcggctgcg      720
agcgtgcac atgaaggagc acccggatta taaataccgg ccccgcgga aaaccaagac      780
gctcatgaag aaggataagt acacgctgcc cggcgggctg ctggcccccg gcggcaatag      840
catggcgagc ggggtcgggg tgggcgccgg cctgggcgcg ggcgtgaacc agcgcgatgga      900
cagttacgcg cacatgaacg gctggagcaa cggcagctac agcatgatgc aggaccagct      960
gggctacccg cagcaccggy gcctcaatgc gcacggcgca gcgcagatgc agcccatgca     1020
ccgctacgac gtgagcggcc tgcagtacaa ctccatgacc agctcgcaga cctacatgaa     1080
cggctcgccc acctacagca tgtcctactc gcagcagggc acccctggca tggtcttgg      1140
    
```

ES 2 664 590 T3

ctccatgggt tgggtggtca agtccgagge cagctccagc ccccctgtgg ttacctcttc 1200  
ctcccactcc agggcgccct gccaggccgg ggacctccgg gacatgatca gcatgtatct 1260  
ccccggcgcc gaggtgccgg aaccgcgcgc cccagcaga cttcacatgt cccagcacta 1320  
ccagagcggc ccggtgcccg gcacggccat taacggcaca ctgcccctct cacacatgtg 1380  
agggccggac agcgaactgg aggggggaga aattttcaa gaaaaacgag ggaaatggga 1440  
ggggtgcaaa agaggagagt aagaaacagc atggagaaaa cccggtacgc tcaaaaagaa 1500  
aaaggaaaaa aaaaaatccc atcaccacaca gcaaatgaca gctgcaaaag agaacaccaa 1560  
tcccatccac actcacgcaa aaaccgcgat gccgacaaga aaacttttat gagagagatc 1620  
ctggacttct ttttggggga ctattttgt acagagaaaa cctggggagg gtggggaggg 1680  
cgggggaatg gaccttgtat agatctggag gaaagaaagc tacgaaaaac tttttaaag 1740  
ttctagtggg acggtaggag ctttgcagga agtttgcaaa agtctttacc aataatattt 1800  
agagctagtc tccaagcgac gaaaaaatg ttttaatat tgcaagcaac tttgtacag 1860  
tatttatcga gataaacatg gcaatcaaaa tgtccattgt ttataagctg agaatttgcc 1920  
aatatttttc aaggagaggc ttcttgctga attttgattc tgcagctgaa atttaggaca 1980  
gttgcaaacg tgaaaagaag aaaatattc aaatttgac attttaattg tttaaaaatt 2040  
gtacaaaagg aaaaaattag aataagtact ggccaacat ctctgtggtc ttgttataaa 2100  
agggcaaaag ttttagactg tactaaattt tataacttac tgttaaaagc aaaaatggcc 2160  
atgcaggttg acaccgttgg taattataa tagcttttgt tcgatcccaa ctttccattt 2220  
tgttcagata aaaaaacca tgaaattact gtgtttgaaa tattttctta tggtttgtaa 2280  
tattttctgta aatttattgt gatattttaa ggttttcccc cctttatttt ccgtagttgt 2340  
attttaaaag attcggctct gtattatttg aatcagctc ccgagaatcc atgtatatat 2400  
ttgaaactaat atcatcctta taacaggtac attttcaact taagttttta ctccattatg 2460  
cacagtttga gataaataaa tttttgaaat atggacactg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2518

<210> 2  
<211> 2949  
5 <212> ADN  
<213> Homo sapiens  
<400> 2

agtttcccga ccagagagaa cgaacgtgtc tgcgggcgcg cggggagcag aggcggtggc 60  
ggcgggcggc ggcaccggga gccgccgagt gacctcccc cgcccctctg gccccacc 120  
ctcccaccg cccgtggccc ggcgccatgg ccgcgcgcgc tccacacaac tcaccggagt 180  
ccgcgccttg cgccgcgac cagttcgcag ctccgcgcca cggcagccag tctcacctgg 240  
cggcaccgcc cgcccaccgc cccggccaca gcccctgcgc ccacggcagc actcgaggcg 300  
accgcgacag tgggtggggga cgctgctgag tggaaagag cgcagcccgg ccaccggacc 360

10

ES 2 664 590 T3

tacttactcg ccttgetgat tgtctatfff tgcgtttaca acttttctaa gaacttttgt 420  
atacaaagga actttttaa aaagacgctt ccaagttata tttaatccaa agaagaagga 480  
tctcggccaa ttggtgggtt tgggttttgg cttcgtttct tctcttcgtt gactttgggg 540  
ttcagggtgc ccagctgctt cgggctgccc aggacctctt gggcccccac attaatgagg 600  
cagccacctg gcgagctctga catggctgtc agcgacgcgc tgcctccatc tttctccacg 660  
ttcgcgtctg gcccggcggg aaggggagaag aactgcgtc aagcagggtc cccgaataac 720  
cgctggcggg aggagctctc ccacatgaag cgacttcccc cagtgtctcc cggccgcccc 780  
tatgacctgg cggcggcgac cgtggccaca gacctggaga gcggcggagc cggtgccgct 840  
tgcggcggta gcaacctggc gcccctacct cggagagaga ccgaggagt caacgatctc 900  
ctggacctgg actttattct ctccaattcg ctgacctc ctccggagtc agtggccgcc 960  
accgtgtcct cgtcagcgtc agcctcctct tctcgtcgc cgtcagagcag cggccctgcc 1020  
agcgcgccct ccacctgcag cttcacctat ccgatccggg ccgggaacga cccgggcgtg 1080  
gcgcggggcg gcacgggagg aggcctcctc tatggcaggg agtccgctcc cctccgacg 1140  
gctcccttca acctggcggg catcaacgac gtgagcccct cggcgggctt cgtggccgag 1200  
ctcctcgggc cagaattgga ccgggtgtac attccgcgc agcagccgca gccgccaggt 1260  
ggcgggctga tgggcaagtt cgtgctgaag gcgtcgtga gcgccctgg cagcgagtac 1320  
ggcagcccgt cggtcacgag cgtcagcaaa ggcagcccct acggcagcca cccggtggtg 1380  
gtggcggcct acaacggcgg gccgcgcgc acgtgcccca agatcaagca ggagcgggtc 1440  
tcttcgtgca cccacttggg cgtcggacct cctctcagca atggccaccg gccggctgca 1500  
cacgacttcc ccctggggcg gcagctcccc agcaggacta ccccgacctt gggctctgag 1560  
gaagtgtctg gcagcaggga ctgtcacctt gcctgcgcgc ttcctcccgg cttccatccc 1620  
caccggggc ccaattacc atccttcctg ccgatcaga tgcagccgca agtcccgccg 1680  
ctccattacc aagagctcat gccaccgggt tctgcatgc cagaggagcc caagccaaag 1740  
aggggaagac gatcgtggcc ccggaaaagg accgccccc aacttgtga ttacgcgggc 1800  
tgcggcaaaa cctacacaaa gatttccat ctcaaggcac acctgcgaac ccacacaggt 1860  
gagaaacctt accactgtga ctgggacggc tgtggatgga aattcggccg ctccagatgaa 1920  
ctgaccaggc actaccgtaa acacacgggg caccgcccgt tccagtgcc aaaaatgcgac 1980  
cgagcatttt ccaggtcggg ccacctcggc ttacacatga agaggcattt ttaaatccca 2040  
gacagtggat atgaccaca ctgccagaag agaattcagt attttttact tttcacactg 2100  
tcttcccgat gagggaagga gccagccag aaagcactac aatcatggtc aagttccca 2160  
ctgagtcac tttgtgagtg ataatacagga aaaatgagga atccaaaaga caaaaatcaa 2220  
agaacagatg gggctctgta ctggatcttc tatcattcca attcetaatc cgacttgaat 2280

ES 2 664 590 T3

attcctggac ttacaaaatg ccaagggggt gactggaagt tgtggatatac agggataaaa 2340  
 ttatatccgt gagttggggg agggaagacc agaattccct tgaattgtgt attgatgcaa 2400  
 tataagcata aaagatcacc ttgtattctc ttacacctct aaaagccatt attatgatgt 2460  
 tagaagaaga ggaagaaatt caggtacaga aaacatgttt aaatagccta aatgatgggt 2520  
 cttggtgagt cttggtteta aaggtaacca acaaggaagc caaagttttc aaactgctgc 2580  
 atactttgac aaggaaaatc tatatttgtc ttccgatcaa catttatgac ctaagtcagg 2640  
 taatatacct ggtttacttc tttagcattt ttatgcagac agtctgttat gcactgtgggt 2700  
 ttcagatgtg caataatttg tacaatgggt tattcccaag tatgccttaa gcagaacaaa 2760  
 tgtgtttttc tatatagttc cttgccttaa taaatatgta atataaattt aagcaaactg 2820  
 ctattttgta tattttgtaa ctacaaagta aaatgaacat tttgtggagt ttgtattttg 2880  
 catactcaag gtgagaatta agttttaaat aaacctataa tattttatct gaaaaaaaaa 2940  
 aaaaaaaaaa 2949

<210> 3  
 <211> 1411  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 3

5

ccttcgcaag ccctcatttc accaggcccc cggttgggg cgccttcctt ccccatggcg 60  
 ggacacctgg ctteggattt cgccttctcg cccctccag gtgggtgagg tgatgggcca 120  
 gggggggcgg agccgggctg ggttgatcct cggacctggc taagcttcca aggcctcct 180  
 ggagggccag gaatcgggcc ggggggttggg ccaggctctg aggtgtgggg gattccccca 240  
 tgccccccgc cgtatgagtt ctgtgggggg atggcgtaact gtgggccccca ggttgagtg 300  
 gggctagtgc cccaaggcgg cttggagacc tctcagcctg agggcgaagc aggagtggg 360  
 gtggagagca actccgatgg ggcctccccg gagcctgca ccgtcacccc tggcgccgtg 420  
 aagctggaga aggagaagct ggagcaaac ccggaggagt cccaggacat caaagctctg 480  
 cagaaagaac tcgagcaatt tgccaagctc ctgaagcaga agaggatcac cctgggatat 540  
 acacaggccg atgtggggct caccctgggg gttctatttg ggaaggtatt cagccaaacg 600  
 accatctgcc gctttgaggc tctgcagctt agcttcaaga acatgtgtaa gctgcggccc 660  
 ttgctgcaga agtgggtgga ggaagctgac aacaatgaaa atcttcagga gatatgcaaa 720  
 gcagaaacct tcgtgcaggc ccgaaagaga aagcgaacca gtatcgagaa ccgagtgaga 780  
 ggcaacctgg agaatttgtt cctgcagtgc ccgaaaccca cactgcagca gatcagccac 840  
 atcgcccagc agcttgggct cgagaaggat gtgggtccgag tgtggttctg taaccggcgc 900  
 cagaagggca agcgatcaag cagcgactat gcacaacgag aggattttga ggctgctggg 960  
 tctcctttct cagggggacc agtgtccttt cctctggccc cagggcccca ttttgggtacc 1020

10

ES 2 664 590 T3

ccaggctatg ggagccctca cttcactgca ctgtactcct cgggcccttt ccctgagggg 1080  
 gaagcctttc cccctgtctc cgtcaccact ctgggctctc ccatgcattc aaactgaggt 1140  
 gcctgccctt ctaggaatgg gggacagggg gaggggagga gctagggaaa gaaaacctgg 1200  
 agtttgtgcc agggtttttg ggattaagtt cttcattcac taaggaagga attgggaaca 1260  
 caaagggtgg gggcagggga gtttggggca actgggttga gggaaggtga agttcaatga 1320  
 tgctcttgat ttaatccca catcatgtat cacttttttc ttaaataaag aagcctggga 1380  
 cacagtagat agacacactt aaaaaaaaa a 1411

<210> 4  
 <211> 993  
 5 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (956)..(956)  
 10 <223> n es a, c, g, o t  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (968)..(968)  
 <223> n es a, c, g, o t  
 15 <400> 4

ccaggactta tcagctggga taggcctcac ttacaagaca gctctgttca gtatttggaa 60  
 gaaagcctga caggtttctt cggaaaagtg gccatccatg gaatgaatga aatgttctct 120  
 ttctattcca gggattgcag tggcaaaagt aggctaggtc ttggaggctg gtgtaaggcg 180  
 atgtgggtga aggcaggagg ctgatggaaa gactgggggg aagaaaagcc gaaatggatt 240  
 cacggtgcct tggatgaagg acgagagggg aactgcaagc tccttcaact ggttctgtcc 300  
 ggtgagaagt gatcaagctt gggctgacaa gaggtcagg gagccctcac gttctttcgc 360  
 ttttttacct gccaatcaaa ctgctacaag acaacacctt gatctggcat ggacatgtcc 420  
 gtgtttacct taatattaca cctggattaa acagaaaaca gtgctgtatt ttgaagagcg 480  
 ccgaatatgt atgcattttg agaaacccaa tctcaccctt tccgggttcc caagaactaa 540  
 aacaagccat aacttgagag aaaaaggaga accttcgggg ggcaggaagg ttgattggaa 600  
 ataacttaag gaaagtctgc agaattcttt tttttacaac ttttctgagt ttccagtggg 660  
 tatatttagt gtgagtttga cagtaacagg ctagggaggg cagagattgg agaaattggg 720  
 ggtcggggga gtgattatgg gaagaaggtt agtaaggaac aaaacaatgc accgttttgt 780  
 aaagataata aatggaacgt ggctggtaga tactattcag tacattttct tagggtgagt 840  
 aagggtagac caggggagga gggggcggag agagtgttac agaagaaaga aaataagtaa 900  
 ccctgatggt ttaagccctt tataaaaaga aatggcatca ggtttttttt ctttantccc 960  
 ccaccanc c tttgtagtca agtgcattta aag 993

<210> 5  
 20 <211> 493

ES 2 664 590 T3

<212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 5

aaaaagaagg	ctgtaagctc	agacaacaag	tagcaaaaga	aacactgacc	actcacaggc	60
tggggattca	gaacctgCGg	atgtggaggg	ccagagggct	gaatttgcaa	gttgggcaat	120
ggggaaagcc	ttcacaagag	agaaagcctt	tgggctggaa	ttggaggagt	aggagtcaat	180
agagagagaa	gagagtaaag	ggcaaggcca	tcattccagg	tttagggagc	aagtacaaag	240
acacagagaa	atggaaggct	tggcctgttt	ggagaatgtc	aagctgtctg	gggttgagag	300
aaagacattc	taacaaggct	tccattaaag	aggctagatt	tgctgcttgg	acattttcta	360
gctcttctga	gacaactttt	tgttgagtta	agcgaaaatg	aatgaaaatc	agatggacca	420
tatttctctt	gaatgcacac	gggcttaaaa	acgaagggga	aaaagaactt	gaccagaatg	480
5	tgtcttgget	ttt				493

<210> 6  
 <211> 418  
 <212> ADN  
 10 <213> Homo sapiens  
 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (359)..(359)  
 <223> n e s a , c , g , o t  
 15 <400> 6

ttaagacagg	gtctcacttt	gttgcccaga	ctggagtgca	gtggagtaca	atgatggctc	60
aatgtagcct	cgatctactg	ggccaaagca	atccttctgc	tccagcctcc	taagtggctg	120
ggaccacagg	cttggaccac	tgtgccctgt	tagttttttt	atTTTTtagta	gagatggggc	180
cctgccatgt	taaccaggct	ggtcttgaac	tcctgtcctc	aagaaatcct	cccgcctctg	240
ccgcccagtg	tcatgattaa	aggcgtgagc	caccacaccc	aactttcaac	tcccaacccg	300
ctccctggca	ctctctcagg	ctctgcacat	cccagctgtc	tggaatcact	ccacacctnc	360
atgttcttca	ggaaccacag	tgcttgacce	cctctcccag	accttgccac	tgtgcctt	418

<210> 7  
 <211> 27  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 7

20 auaauaaaug gaacguggcu gguagau 27

<210> 8  
 <211> 27  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 8

30 cugaguuucc agugguaua uuuagug 27

<210> 9  
 <211> 19

ES 2 664 590 T3

<212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 9  
 5 tgagtggtca gtgttctt 19  
  
 <210> 10  
 <211> 21  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 10 <400> 10  
 gtgtctttgt acttgctccc t 21  
  
 <210> 11  
 <211> 21  
 15 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 11  
 ccctttactc tcttctct c 21  
  
 20 <210> 12  
 <211> 19  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 12  
 25 ttgctacttg ttgtctgag 19  
  
 <210> 13  
 <211> 19  
 <212> ADN  
 30 <213> Homo sapiens  
 <400> 13  
  
 gccatcattg tactccact 19  
  
 35 <210> 14  
 <211> 19  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 14  
 40 agttgggtgt ggtggctca 19  
  
 <210> 15  
 <211> 20  
 <212> ADN  
 45 <213> Homo sapiens  
 <400> 15  
 tggcccagc cacttaggag 20  
  
 <210> 16  
 <211> 21  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 16  
 50 ggcgggagga tttcttgagg a 21  
  
 55 <210> 17  
 <211> 20  
 <212> ADN  
 <213> Homo sapiens  
 60 <220>



# ES 2 664 590 T3

<221> misc\_feature  
<222> (4)..(4)  
<223> n e s a, c, g, o t  
<400> 17

5 atgnaggtgt ggagtgattc 20

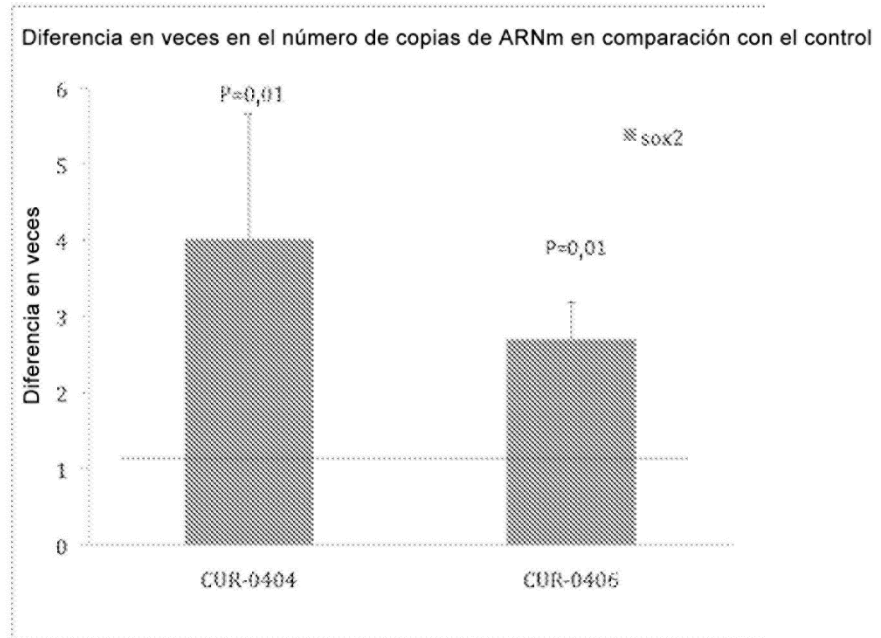
## REIVINDICACIONES

1. Un oligonucleótido que se dirige a un transcrito antisentido natural de un factor de reprogramación para uso como un compuesto terapéutico, donde el oligonucleótido aumenta la expresión del factor de reprogramación, y donde el transcrito antisentido natural tiene la secuencia de ácido nucleico tal como se expone en una cualquiera de las SEQ ID NO: 4, 5 o 6 o una variante de la misma que retiene la función del transcrito antisentido natural de SEQ ID NO: 4, 5 o 6.
2. Un oligonucleótido que se dirige a un transcrito antisentido natural de un factor de reprogramación para uso en la prevención o el tratamiento de una enfermedad o trastorno asociado a un factor de reprogramación, donde el oligonucleótido aumenta la expresión del factor de reprogramación y donde el transcrito antisentido natural tiene la secuencia de ácido nucleico tal como se expone en una de las SEQ ID NO: 4, 5 o 6 o una variante de la misma que retiene la función del transcrito antisentido natural de SEQ ID NO: 4, 5 o 6.
3. Uso de un oligonucleótido que se dirige a un transcrito antisentido natural de un factor de reprogramación para la fabricación de un medicamento para la prevención o el tratamiento de una enfermedad o trastorno asociado a un factor de reprogramación, donde dicho oligonucleótido aumenta la expresión del factor de reprogramación y donde el transcrito antisentido natural tiene la secuencia de ácido nucleico tal como se expone en una cualquiera de las SEQ ID NO: 4, 5 o 6 o una variante de la misma que retiene la función del transcrito antisentido natural de SEQ ID NO: 4, 5 o 6.
4. Uso de acuerdo con la reivindicación 3, o un oligonucleótido para uso de acuerdo con la reivindicación 2 donde la enfermedad o trastorno se selecciona de entre el grupo que consiste en una expresión y/o función anormal del factor de reprogramación, cáncer, una enfermedad renal, una enfermedad o trastorno cardiovascular, inflamación, una enfermedad o trastorno neurológico, cicatrización, enfermedades o trastornos oftálmicos (por ejemplo, microftalmia, coloboma, miopía, anoftalmia/microftalmia - síndrome de atresia esofágica, etc.), displasia septoóptica, una enfermedad o trastorno autoinmune, diabetes, aterosclerosis, una enfermedad de inmunodeficiencia, una enfermedad causada por un agente infeccioso (p. ej., incluyendo, una enfermedad vírica, bacteriana, fúngica, protozoaria, etc.), una enfermedad genética (por ejemplo, la distrofia muscular de Duchenne), una enfermedad o trastorno metabólico (por ejemplo, diabetes, obesidad, síndrome metabólico, enfermedad lisosómica, etc.), traumatismos (por ejemplo, lesión de la médula espinal, quemaduras, etc), isquemia, una enfermedad vascular, una enfermedad o trastorno hepático, psoriasis, una enfermedad o trastorno que requiere trasplante de células, tejidos y órganos, un trastorno o afección que requiere terapia con células madre y una enfermedad o trastorno congénito.
5. Un procedimiento *in vitro* de aumento de la expresión de un factor de reprogramación en células o tejidos de un paciente que comprende: poner en contacto dichas células o tejidos con un oligonucleótido que se dirige a un transcrito antisentido natural de un factor de reprogramación; aumentando de este modo la expresión del factor de reprogramación, donde el transcrito antisentido natural tiene la secuencia de ácido nucleico tal como se expone en una cualquiera de las SEQ ID NO: 4, 5 o 6 o una variante de la misma que retiene la función del transcrito antisentido natural de SEQ ID NO: 4, 5 o 6.
6. Uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3 o 4, o un oligonucleótido para uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1, 2 o 4, o un procedimiento de acuerdo con la reivindicación 5, donde el oligonucleótido es:
- monocatenario; o
  - un compuesto de siRNA.
7. Uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3, 4 o 6, o un oligonucleótido para uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1, 2, 4 o 6, o un procedimiento de acuerdo con la reivindicación 5 o 6, donde:
- el oligonucleótido comprende al menos una de las SEQ ID NO: 7 a 17; y/o
  - la expresión del factor de reprogramación aumenta en al menos el 10 %.
8. Uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3, 4 o 6 a 7, o un oligonucleótido para uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1, 2, 4, 6 o 7, o un procedimiento de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 5 a 7, donde el oligonucleótido comprende además una o más modificaciones que comprenden:

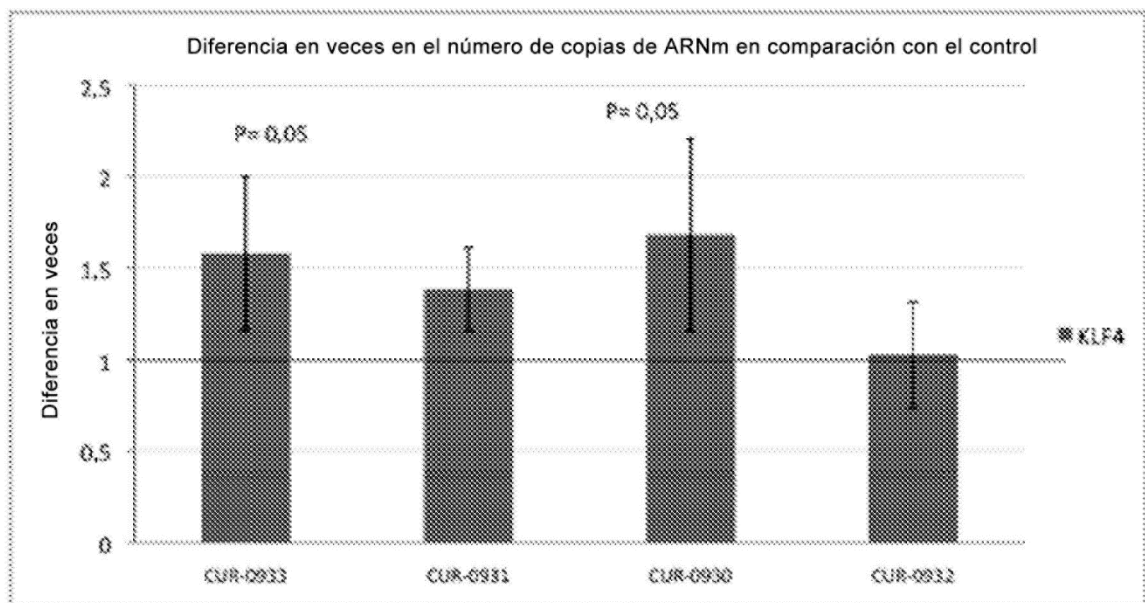
- a. al menos un enlace internucleosídico modificado seleccionado de entre: un fosforotioato, alquilfosfonato, fosforoditioato, alquilfosfonotioato, fosforamidato, carbamato, carbonato, triéster de fosfato, acetamidato, éster carboximetílico y combinaciones de los mismos;
- 5 b. al menos un nucleótido modificado seleccionado de entre: un ácido nucleico peptídico (PNA), un ácido nucleico bloqueado (LNA), un ácido arabino-nucleico, un análogo, un derivado, y combinaciones de los mismos; o
- c. al menos un resto de azúcar modificado seleccionado de entre: un resto de azúcar modificado con 2'-O-metoxietilo, un resto de azúcar modificado con 2'-metoxi, un resto de azúcar modificado con 2'-O-alquilo, un resto de azúcar bicíclico, un resto de 2'-fluoro, y combinaciones de los mismos.
- 10 9. Un oligonucleótido que es específicamente hibridable a un transcrito antisentido natural que tiene la secuencia de ácido nucleico tal como se expone en una cualquiera de las SEQ ID NO: 4, 5 o 6 o una variante de la misma que retiene la función del transcrito antisentido natural de SEQ ID NO: 4, 5 o 6.
- 15 10. Un procedimiento de acuerdo con la reivindicación 9 donde el oligonucleótido:
- a. es monocatenario o un compuesto de siRNA;
- b. comprende al menos una de las SEQ ID NO: 7 a 17;
- c. comprende además una o más modificaciones que comprenden:
- 20 i. al menos un enlace internucleosídico modificado seleccionado de entre: un fosforotioato, alquilfosfonato, fosforoditioato, alquilfosfonotioato, fosforamidato, carbamato, carbonato, triéster de fosfato, acetamidato, éster carboximetílico y combinaciones de los mismos;
- ii. al menos un nucleótido modificado seleccionado de entre: un ácido nucleico peptídico (PNA), un ácido nucleico bloqueado (LNA), un ácido arabino-nucleico, un análogo, un derivado, y combinaciones de los mismos; o
- 25 iii. al menos un resto de azúcar modificado seleccionado de entre: un resto de azúcar modificado con 2'-O-metoxietilo, un resto de azúcar modificado con 2'-metoxi, un resto de azúcar modificado con 2'-O-alquilo, un resto de azúcar bicíclico, un resto 2'-fluoro, y combinaciones de los mismos; y/o
- d. tiene entre 10 y 30 nucleótidos de longitud.
- 30 11. Una composición farmacéutica que comprende al menos un oligonucleótido de acuerdo con la reivindicación 9 o 10, y un excipiente farmacéuticamente aceptable.
- 35 12. Un procedimiento para preparar una célula madre pluripotente inducida (iPS) mediante reprogramación nuclear de células somáticas que comprende: poner en contacto dichas células somáticas con un oligonucleótido de acuerdo con la reivindicación 9 o 10.
- 40 13. Un procedimiento *in vitro* para aumentar la expresión de un factor de reprogramación en una célula madre pluripotente inducida (iPS) que comprende poner en contacto una célula somática con un oligonucleótido de acuerdo con la reivindicación 9 o 10.
- 45 14. Una célula madre pluripotente inducida (iPS) que puede obtenerse por el procedimiento de la reivindicación 12 o 13, en el que dicha célula iPS comprende un oligonucleótido de acuerdo con la reivindicación 9 o 10.
15. La célula madre pluripotente inducida (iPS) de la reivindicación 14 para su uso en terapia con células madre, donde dicha terapia comprende inducir la diferenciación de dicha célula iPS para obtener una célula iPS diferenciada y trasplantar la célula iPS diferenciada en el paciente.

FIGURA 1

A



B



C

