

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 743 050**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/6851 (2008.01)

C12Q 1/6853 (2008.01)

C12Q 1/689 (2008.01)

C12Q 1/6848 (2008.01)

C12Q 1/68 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **09.04.2013 PCT/US2013/035750**

87 Fecha y número de publicación internacional: **17.10.2013 WO13155056**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **09.04.2013 E 13775206 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **22.05.2019 EP 2836609**

54 Título: **Composiciones y procedimientos para cuantificar una secuencia de ácido nucleico en una muestra**

30 Prioridad:

09.04.2012 US 201261621975 P

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

18.02.2020

73 Titular/es:

**ENVIROLOGIX INC. (33.3%)
500 Riverside Industrial Parkway
Portland, Maine 04103, US;
SHAFFER, DANIEL (33.3%) y
JUDICE, STEPHEN A. (33.3%)**

72 Inventor/es:

**SHAFFER, DANIEL y
JUDICE, STEPHEN, A.**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 743 050 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

Composiciones y procedimientos para cuantificar una secuencia de ácido nucleico en una muestra

Referencia cruzada a solicitudes relacionadas

5 Esta solicitud reivindica el beneficio sobre la solicitud provisional de Estados Unidos n.º 61/621.975, presentada el lunes 9 de abril de 2012.

Antecedentes de la invención

10 Las tecnologías de amplificación de ácido nucleico han proporcionado un medio para comprender procesos biológicos complejos, detección, identificación y cuantificación de organismos patógenos y no patógenos, análisis criminológico forense, estudios de asociación de enfermedades y detección de acontecimientos en organismos genéticamente modificados, etc. La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es una tecnología común de amplificación de ácido nucleico dependiente de ciclado térmico utilizada para amplificar el ADN, que consiste en ciclos repetidos de calentamiento y enfriamiento de la reacción para la fusión del ADN y la replicación enzimática del ADN usando una ADN polimerasa. La PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR) es una técnica utilizada para
15 cuantificar el número de copias de una secuencia de ácido nucleico dada en una muestra biológica. En la actualidad, la qPCR utiliza la detección de productos de reacción en tiempo real durante toda la reacción y compara el perfil de amplificación con la amplificación de controles que contienen una cantidad conocida de ácidos nucleicos al comienzo de cada reacción (o una relación relativa conocida entre ácidos nucleicos y el ácido nucleico probado desconocido). Los resultados de los controles se utilizan para construir curvas estándar, típicamente basados en la porción logarítmica de las curvas de amplificación de reacción estándar. Estos valores se utilizan para interpolar la cantidad
20 de incógnitas en función de dónde están sus curvas de amplificación en comparación con las cantidades de control estándar.

Además de la PCR, existen sistemas de amplificación no dependientes de ciclos térmicos o tecnologías de amplificación de ácido nucleico isotérmica, incluyendo, sin limitación: Reacción de amplificación de corte y extensión (NEAR), Amplificación de círculo rodante (RCA), Amplificación dependiente de helicasa (HDA), Amplificación
25 mediada por bucle (LAMP), Amplificación por desplazamiento de hebra (ADH), Amplificación mediada por transcripción (AMT), Replicación de secuencia autosostenida (3SR), Amplificación basada en secuencia de ácido nucleico (NASBA), Amplificación isotérmica de cebador único (SPIA), Sistema de replicasa Q-β y amplificación con polimerasa recombinante (RPA).

30 La amplificación NEAR tiene similitudes con el termociclado por PCR. Al igual que la PCR, la amplificación NEAR usa secuencias de oligonucleótidos que son complementarias a secuencias objetivo denominadas cebadores en la PCR y moldes en la NEAR. Además, la amplificación NEAR de las secuencias objetivo produce un aumento logarítmico en la secuencia objetivo, tal como lo hace en la PCR estándar. A diferencia de la PCR estándar, la reacción NEAR progresa isotérmicamente. En la PCR estándar, se incrementa la temperatura para permitir que las dos hebras de ADN se separen. En una reacción NEAR, la secuencia de ácido nucleico objetivo se corta en sitios de
35 corte específicos presentes en una muestra de prueba. La polimerasa se infiltra en el sitio de corte y comienza la síntesis de la hebra complementaria de la secuencia de nucleótidos objetivo cortada (el ADN exógeno añadido) junto con el desplazamiento de la hebra de ADN complementaria existente. El proceso de replicación por desplazamiento de hebra evita la necesidad de aumentar la temperatura. En ese momento, las moléculas de molde/cebador se hibridan con la secuencia complementaria desplazada del ADN exógeno añadido. A continuación, la polimerasa se extiende desde el extremo 3' del molde, creando una hebra complementaria a la hebra previamente desplazada. El segundo oligonucleótido molde/cebador se hibrida con la hebra complementaria recién sintetizada y se extiende formando un dúplex de ADN que incluye la secuencia de reconocimiento de la enzima de corte. Esta hebra es, entonces, sensible al corte con la consiguiente la extensión de desplazamiento de hebra por la polimerasa, lo que conduce a la producción de un dúplex de ADN que tiene sitios de corte en cualquier lado del ADN objetivo original.
40 Una vez que se ha sintetizado, la molécula continúa amplificándose exponencialmente a través de la replicación de las hebras desplazadas con nuevas moléculas de molde. Además, la amplificación también procede linealmente desde cada molécula de producto a través de la acción repetida de la síntesis de traducción de corte en los sitios de corte introducidos en el molde. El resultado es un aumento muy rápido en la amplificación de la señal objetivo; mucho más rápido que el termociclado por PCR, con resultados de amplificación en menos de diez minutos.

50 La cuantificación ha sido problemática, sin embargo. El rendimiento óptimo de un sistema NEAR en tiempo real depende de la generación y amplificación de un producto específico. Se sabe que los sistemas NEAR generan niveles significativos de productos de fondo no específicos además del producto específico por las enzimas de reacción. Estos productos de fondo pueden servir como entidades amplificables y su generación puede superar a la generación de productos específicos. Si bien es posible diseñar sondas de detección específicas para el objetivo deseado (y, por lo tanto, el producto específico es detectable en un contexto complejo), niveles significativos de
55 productos de fondo no específicos secuestran componentes de reacción que de otro modo podrían haberse utilizado para la amplificación del producto específico. Por tanto, el secuestro de los componentes de la reacción debido a la generación del producto de fondo no específico da como resultado una reacción que es subóptima. Esto es particularmente problemático cuando el ácido nucleico objetivo está inicialmente en muy baja abundancia y cuando

se requiere una reacción altamente optimizada para la detección fiable del objetivo. Asimismo, una reacción subóptima puede no representar la cuantificación verdadera de un ácido nucleico objetivo aunque sea detectable. Sería ventajoso generar reacciones NEAR optimizadas que eliminen la amplificación de productos de fondo no específicos. Hacerlo proporcionaría una reacción adecuada para la cuantificación, ya sea mediante un sistema basado en curvas estándar o una cuantificación relativa.

Asimismo, es una práctica común evaluar las reacciones NEAR mediante espectrometría de masas. Los altos niveles de productos de fondo pueden enmascarar la interpretación de los datos de espectrometría de masas. Si, por ejemplo, una reacción contiene productos de fondo, uno o más productos derivados de la amplificación no específica (de objetivos relacionados pero diferentes), y el producto específico, sería difícil identificar estos productos derivados de la matriz a partir de los productos de fondo. La eliminación de productos de fondo conduce a una determinación clara del rendimiento/especificidad del ensayo particular.

De manera adicional, los altos niveles de productos de fondo pueden impedir la amplificación óptima de reacciones intencionalmente duplexadas o multiplexadas. Aunque múltiples sondas de detección marcadas de forma diferencial son compatibles con la detección en tiempo real, todavía existe el problema de las limitaciones de los reactivos debido a la formación de productos no específicos. Esto es particularmente cierto para las reacciones dúplex o multiplex, ya que estas reacciones contienen más de dos moldes/cebadores que potencialmente pueden formar poblaciones complejas de productos de fondo. Un sistema de reacción NEAR que elimina la amplificación de los productos de fondo también proporciona condiciones para la detección de reacciones intencionalmente duplexadas o multiplexadas en tiempo real. El documento EP 1 201 768 A2 desvela cebadores modificados para su uso en la amplificación de una secuencia de ácido nucleico. Las amplificaciones realizadas usando los cebadores modificados dan como resultado menos producto no específico independiente del molde (dímero de cebador) en comparación con las amplificaciones llevadas a cabo usando cebadores no modificados. El documento EP 1 420 069 A1 desvela procedimientos para amplificar un ácido nucleico objetivo (mediante el cual el ácido nucleico objetivo en una muestra se amplifica de manera altamente sensible y específica), así como composiciones y kits para su uso en estos procedimientos. Craw y Balachandran, Lab Chip, 2012, 12, 2469-2486 revisan las tecnologías de amplificación de ácido nucleico isotérmico para el diagnóstico en el punto de atención. El documento US 2009/0081670 A1 desvela una reacción de amplificación de corte y extensión para la amplificación exponencial de ácidos nucleicos, en particular la amplificación exponencial rápida de secuencias cortas de ADN o ARN a una temperatura constante. Por último, el documento WO 2012/021493 desvela composiciones y procedimientos para cuantificar una secuencia de ácido nucleico en una muestra. En particular, el documento desvela composiciones y procedimientos para cuantificar la detección de un oligonucleótido objetivo en una muestra en tiempo real. Los procedimientos son compatibles con los oligonucleótidos objetivo amplificados usando una reacción NEAR.

Sería muy ventajoso proporcionar un medio para eliminar los productos de fondo amplificables, maximizando de este modo el potencial de generación de productos específicos en las reacciones NEAR. Sería deseable si se pudiera proporcionar un resultado cuantitativo monitorizando con precisión el progreso de la reacción en tiempo real.

Sumario de la invención

Como se describe a continuación, la presente invención aborda procedimientos para la detección de un oligonucleótido objetivo en una muestra en tiempo real que reduce o elimina la generación de productos de fondo, permitiendo la cuantificación del oligonucleótido objetivo de la muestra. Estos procedimientos son compatibles con los oligonucleótidos objetivo amplificados usando una reacción NEAR. La invención se basa, al menos en parte, en el descubrimiento de que se pueden generar productos específicos en reacciones NEAR uniplexadas sin la generación de productos de fondo. Los procedimientos proporcionan una cuantificación relativa de muestras de prueba desconocidas, reacciones dúplex y reacciones multiplexadas, y la creación de curvas estándar para la cuantificación absoluta de muestras de prueba desconocidas.

En un aspecto, la invención proporciona un procedimiento para cuantificar un producto específico en una reacción de amplificación de corte y extensión, comprendiendo el procedimiento:

(a) poner en contacto una molécula de ácido nucleico objetivo en condiciones sustancialmente isotérmicas con una polimerasa deficiente en exonucleasa, dos o más oligonucleótidos cebadores, en el que cada uno de los oligonucleótidos cebadores comprende de 5' a 3':

- i. una secuencia de reconocimiento de enzimas de corte;
- ii. una secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y
- iii. uno o más nucleótidos modificados con 2'-O-metilo colocados en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y

una enzima de corte que se une a la secuencia de reconocimiento de la enzima de corte en el ADN bicatenario y corta una hebra del ADN bicatenario en un sitio de corte y una sonda polinucleotídica detectable;

(b) generar amplicones que comprenden al menos una porción de dicha molécula de ácido nucleico objetivo; y
(c) detectar una señal específica para la hibridación de la sonda oligonucleotídica con la molécula de ácido nucleico objetivo o su amplicón, en el que la señal indica la cantidad de la molécula de ácido nucleico objetivo

presente en la muestra o un amplicón de la misma.

En una realización específica, dos o más nucleótidos modificados en 2' son contiguos.

En una realización específica adicional, se colocan 5 nucleótidos contiguos modificados con 2'-O-metilo en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo.

5 En un aspecto particular, la invención proporciona un procedimiento para cuantificar un producto específico en una reacción de amplificación de corte y extensión, comprendiendo el procedimiento:

- (a) poner en contacto una molécula de ácido nucleico objetivo en condiciones sustancialmente isotérmicas con una polimerasa, dos oligonucleótidos cebadores, cada uno de los cuales se une específicamente a una secuencia complementaria en la molécula de ácido nucleico objetivo, una enzima de corte que se une a una secuencia de reconocimiento de enzima de corte en ADN bicatenario y corta una hebra del ADN bicatenario, y una sonda polinucleotídica detectable, en el que cada uno de los oligonucleótidos cebadores comprende 5 nucleótidos contiguos modificados con 2'-O-metilo ubicados en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo;
- 10 (b) generar amplicones que tienen al menos una porción de dicha molécula de ácido nucleico objetivo; y
- 15 (c) detectar una señal específica para la hibridación de la sonda oligonucleotídica con la molécula de ácido nucleico objetivo o su amplicón, en el que la señal indica la cantidad de la molécula de ácido nucleico objetivo presente en la muestra o un amplicón de la misma.

20 Las composiciones y artículos definidos por la invención se aislaron o se fabricaron de otro modo en relación con los ejemplos proporcionados a continuación. Otras características y ventajas de la invención serán evidentes a partir de la siguiente descripción detallada y a partir de las reivindicaciones.

Definiciones

En esta divulgación, "comprende", "que comprende", "que contiene" y "que tiene" y similares pueden tener el significado que se les atribuye en la legislación de patentes de Estados Unidos y puede significar "incluye", "que incluye", y similares; "que consiste esencialmente en" o "consiste esencialmente en" también tiene el significado atribuido en la legislación de patentes de Estados Unidos y el término es abierto, lo que permite la presencia de más de lo que se cita, siempre que las características básicas o novedosas de lo que se cita no cambien por la presencia de más de lo que se cita, pero excluye realizaciones de la técnica anterior.

Por "molécula que detiene la polimerasa" se entiende un resto asociado con un molde/cebador de polinucleótidos que previene o reduce significativamente la progresión de una polimerasa en el molde de polinucleótido. Preferentemente, el resto se incorpora en el polinucleótido. En una realización preferida, el resto evita que la polimerasa progrese sobre el molde.

Por "extensión de polimerasa" se entiende la progresión hacia adelante de una polimerasa desde un grupo 3'-hidroxilo accesible que incorpora monómeros entrantes complementarios a sus nucleótidos opuestos en una hebra de polinucleótidos molde.

35 Por "polimerasa deficiente en exonucleasa" se entiende una ADN polimerasa dependiente de ADN y/o una ADN polimerasa dependiente de ARN que carece de actividad de exonucleasa 5'-3' o que tiene niveles virtualmente indetectables de dicha actividad.

Por "aducto de nucleótidos" se entiende un resto que está unido covalentemente o fijado de otra manera a una base de nucleótidos estándar.

40 Tal como se usa en el presente documento, la expresión "sonda polinucleotídica detectable" se refiere a cualquier polinucleótido, al menos parcialmente monocatenario, marcado con un resto detectable con una región de secuencia complementaria al menos a una hebra de la secuencia objetivo, que libera una señal detectable del resto detectable al unirse a la secuencia objetivo, mientras que la generación de señal por ese resto detectable depende de la escisión de la sonda polinucleotídica detectable por una actividad de exonucleasa 5'-3' no específica. Un ejemplo de una "sonda polinucleotídica detectable" como se usa en el presente documento es, aunque sin limitaciones, una sonda fluorescente de baliza molecular como se ha descrito en la técnica anterior.

50 Tal como se usa en el presente documento, la expresión "ácido nucleico" se refiere a desoxirribonucleótidos, ribonucleótidos, o nucleótidos modificados, y sus polímeros en forma de hebra simple o doble. El término engloba ácidos nucleicos que contienen análogos de nucleótidos conocidos o residuos de la cadena principal modificados o enlaces que son sintéticos, de origen natural y no naturales, que tienen propiedades de unión similares a las del ácido nucleico de referencia y que se metabolizan de manera similar a los nucleótidos de referencia. Los ejemplos de dichos análogos incluyen, sin limitación, ribonucleótidos modificados en 2' (por ejemplo, ribonucleótidos 2'-O-metilo, nucleótidos 2'-F).

Tal como se usa en el presente documento, "nucleótido modificado" se refiere a un nucleótido que tiene una o más

- modificaciones al nucleósido, la base nitrogenada, anillo pentosa o grupo fosfato. Por ejemplo, los nucleótidos modificados excluyen los ribonucleótidos que contienen monofosfato de adenosina, monofosfato de guanosina, monofosfato de uridina y monofosfato de citidina, y desoxirribonucleótidos que contienen monofosfato de desoxiadenosina, monofosfato de desoxiguanosina, monofosfato de desoxitimidina y monofosfato de desoxicitidina.
- 5 Las modificaciones incluyen aquellas que se producen de forma natural como resultado de la modificación por enzimas que modifican nucleótidos, tales como metiltransferasas. Los nucleótidos modificados también incluyen nucleótidos sintéticos o de origen no natural. Las modificaciones sintéticas o no naturales en los nucleótidos incluyen aquellas con modificaciones en 2', por ejemplo, 2'-alquilo, tal como 2'-O-metil y 2'-metoxietoxi, 2'-fluoro, 2'-hidroxilo (ARN), 2'-alilo, 2'-O- [2-(metilamino)-2-oxoetil], 4'-tio, 4'-CH₂-O-2'-puente, 4'-(CH₂)₂-O-2'-puente, 2'-LNA y 2'-O-(N-metilcarbamato) o los que comprenden análogos de bases.
- 10 Por "sustitución de base" se entiende un sustituyente de un polímero de base nitrogenada que no causa una interrupción significativa de la hibridación entre hebras de nucleótidos complementarias.
- Por "producto específico" se entiende un producto polinucleotídico que resulta de la hibridación de oligonucleótidos molde a una secuencia objetivo complementaria y la posterior extensión mediada por polimerasa de la secuencia objetivo.
- 15 Por "reacción de amplificación de corte y extensión" se entiende ciclos alternos de corte y extensión que conducen a la amplificación de un polinucleótido de interés.
- Por "condición sustancialmente isotérmica" se entiende a una temperatura única o dentro de un intervalo estrecho de temperaturas que no varía significativamente. En una realización, una reacción llevada a cabo bajo condiciones sustancialmente isotérmicas se lleva a cabo a una temperatura que varía en solo aproximadamente 1-5 °C (por ejemplo, variando en 1, 2, 3, 4 o 5 grados). En otra realización, la reacción se lleva a cabo a una temperatura única dentro de los parámetros de funcionamiento del instrumento utilizado.
- 20 Por "enzima de corte" se entiende un polipéptido capaz de reconocer y unirse a una estructura específica en moléculas de ácido nucleico de doble hebra y romper un enlace fosfodiéster entre nucleótidos adyacentes en una sola hebra al unirse a su estructura específica reconocida, creando así un grupo 3'-hidroxilo libre en el nucleótido terminal corriente arriba del sitio de corte que puede extenderse por una polimerasa deficiente en exonucleasa.
- 25 Por "sitio de corte" se entiende la posición de un enlace fosfodiéster "roto" en una hebra de una molécula de ácido nucleico bicatenaria hidrolizada por una enzima de corte.
- Por "amplicón" se entiende un polinucleótido o una multitud de polinucleótidos generados durante la amplificación de un polinucleótido de interés. En un ejemplo, se genera un amplicón durante una reacción en cadena de la polimerasa.
- 30 Por "semicuantitativo" se entiende proporcionar una estimación de la cantidad relativa basada en un control interno.
- Por "procedimiento de umbral de cantidad" se entiende proporcionar una estimación de la cantidad basada en exceder o no exceder en cantidad un patrón comparativo.
- 35 Por "modificadores de la tasa de amplificación" se entiende un agente capaz de afectar a la tasa de extensión de la polimerasa o a la tasa de corte de hebra sencilla por la enzima de corte, o ambas.
- Por "monitorizar una reacción" se entiende detectar el progreso de una reacción. En una realización, la monitorización de la progresión de la reacción implica detectar la extensión de la polimerasa y/o detectar una reacción NEAR completa.
- 40 "Detectar" se refiere a identificar la presencia, ausencia o cantidad del analito a detectar.
- Por "resto detectable" se entiende una composición que cuando se une a una molécula de interés hace que esta última sea detectable, por medios espectroscópicos, fotoquímicos, bioquímicos, inmunoquímicos o químicos. Por ejemplo, los marcadores útiles incluyen isótopos radiactivos, perlas magnéticas, perlas metálicas, partículas coloidales, colorantes fluorescentes, reactivos densos en electrones, enzimas (por ejemplo, como se usa habitualmente en un ELISA), biotina, digoxigenina o haptenos.
- 45 Por "fragmento" se entiende una porción de una molécula de ácido nucleico. Esta porción contiene, preferentemente, al menos 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 % o 90 % de la longitud total de la molécula o polipéptido de ácido nucleico de referencia. Un fragmento puede contener 5, 10, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 o 100 nucleótidos.
- 50 "Hibridación" significa puentes de hidrógeno, que pueden ser puentes de hidrógeno de Watson-Crick, Hoogsteen o de Hoogsteen invertidos, entre bases nitrogenadas complementarias. Por ejemplo, la adenina y la timina son bases nitrogenadas complementarias que se emparejan mediante la formación de puentes de hidrógeno.
- Por "polinucleótido aislado" se entiende un ácido nucleico (por ejemplo, un ADN) que está libre de los genes que, en

el genoma natural del organismo del que deriva la molécula de ácido nucleico de la invención, flanquean el gen. El término, por lo tanto, incluye, por ejemplo, un ADN recombinante que se incorpora en un vector; en un plásmido o virus que se replica de forma autónoma; o en el ADN genómico de un procarionta o eucarionta; o que existe como una molécula separada (por ejemplo, un ADNc o un fragmento genómico o de ADNc producido por PCR o digestión con endonucleasas de restricción) independiente de otras secuencias. Además, el término incluye una molécula de ARN que se transcribe a partir de una molécula de ADN, así como un ADN recombinante que es parte de un gen híbrido que codifica una secuencia polipeptídica adicional.

Los términos "aislado", "purificado" o "biológicamente puro" se refiere a material que está libre en diversos grados de componentes que normalmente lo acompañan como se encuentra en su estado nativo. "Aislado" denota un grado de separación de la fuente original o sus alrededores. "Purificar" denota un grado de separación que es mayor que el aislamiento. Una proteína "purificada" o "biológicamente pura" está suficientemente libre de otros materiales de manera que las impurezas no afectan materialmente a las propiedades biológicas de la proteína ni causan otras consecuencias adversas. Es decir, un ácido nucleico o péptido de la presente invención se purifica si está sustancialmente libre de material celular, material viral o medio de cultivo cuando se produce mediante técnicas de ADN recombinante o precursores químicos u otros productos químicos cuando se sintetizan químicamente. La pureza y la homogeneidad se determinan típicamente utilizando técnicas de química analítica, por ejemplo, electroforesis en gel de poliacrilamida o cromatografía líquida de alto rendimiento. El término "purificado" indica que un ácido nucleico o proteína da lugar a esencialmente una banda en un gel de electroforesis. Para una proteína que puede estar sujeta a modificaciones, por ejemplo, fosforilación o glicosilación, diferentes modificaciones pueden dar lugar a diferentes proteínas aisladas, que se puede purificar por separado.

Tal como se usa en el presente documento, "obtener" como en "obtener un agente" incluye sintetizar, comprar o adquirir de otro modo el agente.

Por "referencia" se entiende una condición estándar o de control. Como resulta evidente para los expertos en la técnica, una referencia apropiada es cuando se cambia un elemento para determinar el efecto del elemento.

Por "hibridar" se entiende un par para formar una molécula bicatenaria entre secuencias de polinucleótidos complementarias (por ejemplo, un gen descrito en el presente documento), o porciones de las mismas, en diversas condiciones de rigurosidad. (Véanse, por ejemplo, Wahl, G. M. y S. L. Berger (1987) *Methods Enzymol.* 152:399; Kimmel, A. R. (1987) *Methods Enzymol.* 152:507).

Por "sujeto" se entiende un mamífero, incluyendo, pero sin limitación, un mamífero humano o no humano, tal como una especie bovina, equina, canina, ovina o felina.

Por "molécula de ácido nucleico objetivo" se entiende un polinucleótido que se va a analizar. Tal polinucleótido puede ser una hebra sentido o antisentido de la secuencia objetivo. La expresión "molécula de ácido nucleico objetivo" también se refiere a amplicones de la secuencia objetivo original.

Los intervalos proporcionados en el presente documento se entienden como abreviatura de todos los valores dentro del intervalo. Por ejemplo, se entiende que un intervalo de 1 a 50 incluye cualquier número, combinación de números o subintervalo del grupo que consiste en 1, 2, 3, 4, 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 o 50.

A menos que se indique específicamente o sea obvio por el contexto, tal como se usa en el presente documento, se entiende que el término "o" es inclusivo. A menos que se indique específicamente o sea obvio por el contexto, tal como se usa en el presente documento, los términos "un", "uno/a" y "el/la" se entienden en singular o plural.

A menos que se indique específicamente o sea obvio por el contexto, tal como se usa en el presente documento, el término "aproximadamente" se entiende dentro de un intervalo de tolerancia normal en la técnica, por ejemplo dentro de 2 desviaciones estándar de la media. Aproximadamente se puede entender como dentro del 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 %, 5 %, 4 %, 3 %, 2 %, 1 %, 0,5 %, 0,1 %, 0,05 % o 0,01 % del valor establecido. A menos que sea claro por el contexto, todos los valores numéricos proporcionados en el presente documento se modifican por el término aproximadamente.

La relación de una lista de grupos químicos en cualquier definición de una variable en el presente documento incluye definiciones de esa variable como cualquier grupo único o combinación de grupos indicados. La mención de una realización para una variable o aspecto en el presente documento incluye esa realización como cualquier realización individual o en combinación con cualquier otra realización o partes de la misma.

Cualquier composición o procedimiento proporcionado en el presente documento puede combinarse con una o más de cualquiera de las otras composiciones y procedimientos proporcionados en el presente documento.

Breve descripción de los dibujos

La figura 1 representa ejemplos de estructuras de entidades que detienen la polimerasa. Negro = secuencia del estabilizador, Azul = secuencia de reconocimiento de enzimas de corte, Verde = secuencia espaciadora de

enzimas de corte, Rojo = Secuencia de reconocimiento específica del objetivo, A = adenina, T = timina, G = guanina, C = citosina, U = uracilo, mX = base de 2'-O-metil ARN. La(s) base(s) subrayada(s) delimitan el segmento de secuencia modificada. La Figura 1 desvela las SEQ ID NO: 1-57, 50, 42, 33, 23 y 12, respectivamente, en orden de aparición.

5 Las Figuras 2A-2C representan la evaluación del intervalo dinámico sintético de longitud frente para *Clavibacter michiganensis sepidonicus* (Cms). Se muestran resultados de ejemplo de la titulación del objetivo sintético de "unidades de longitud" de Cms y la detección mediante una baliza molecular con flúor. El ensayo NEAR para Cms realizado sin ácido nucleico objetivo de entrada se indica como Control No Objetivo (CNO). La Figura 2A es un gráfico que muestra que la señal en los Controles No Objetivo (CNO) se había suprimido en las reacciones que contienen cebador/molde modificado con 2'-O-metilo. La figura 2B es un gráfico que muestra que la curva estándar mostraba un amplio intervalo dinámico utilizando las reacciones del molde 2'-O-metilo. La figura 2C es una comparación de datos de espectros de masas de ejemplo que muestran la eliminación de productos de amplificación no específicos en los Controles No Objetivo (CNO) del sistema de ensayo Cms usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo (panel derecho), en comparación con los cebadores/moldes no modificados (panel izquierdo). Para determinar el efecto de los cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo en la generación de productos de fondo, se analizaron muestras (10 µl) de reacciones de Controles No Objetivo representadas en la figura 2A mediante HPLC/espectrometría de masas. Los datos de espectros de masas demuestran claramente en presencia de cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo que se detectó la presencia de solo las especies moleculares esperadas y se eliminaron los productos de fondo complejos generados en presencia de cebadores/moldes no modificados.

10 La Figura 3 representa la modificación 2'-O-metilo de las moldes/cebadores eliminados de la señal de fondo en el ensayo NEAR usando la detección SYBR Green. Se muestran datos de amplificación de ejemplo usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo y la eliminación de productos de amplificación no específicos. La Figura 3A es un gráfico que muestra que se observó una señal significativa en los Controles No Objetivo (CNO), indicando la generación de producto de fondo en ausencia de ADN objetivo. La Figura 3B es un gráfico que muestra que en las reacciones que contienen moldes modificados con 2'-O-metilo se suprimió la señal en los Controles No Objetivo (CNO).

15 La Figura 4 representa la modificación de 2'-O-metilo de las moldes/cebadores eliminados de la señal de fondo en el ensayo NEAR utilizando la detección de baliza molecular. Se muestran datos de amplificación de ejemplo usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo y la eliminación de productos de amplificación inespecíficos. La Figura 4A es un gráfico que muestra que se observó una señal significativa en los Controles No Objetivo (CNO), indicando la generación de producto de fondo en ausencia de ADN objetivo. La Figura 4B es un gráfico que muestra que en las reacciones que contienen moldes modificados con 2'-O-metilo se había suprimido la señal en los Controles No Objetivo (CNO).

20 La Figura 5 representa ejemplos de entidades de detención de polimerasa que usan cebadores/moldes modificadas con 2'-O-metilo o se pueden usar relaciones de cebadores/moldes modificadas con 2'-O-metilo para manipular tanto el tiempo de detección como la eficacia de la reacción, así "ajustando" las reacciones. Se muestran representaciones esquemáticas de moldes/cebadores modificados con 2'-O-metilo de ejemplo para el ajuste de una reacción específica, incluyendo un cebador/molde que tiene un bloque de cinco nucleótidos 2'-O-metilo en el extremo 3' (molde "Terminal"; izquierda) y un cebador/molde que tiene un bloque de cinco nucleótidos de 2'-O-metilo que comienzan en el 3^{er} nucleótido después del sitio de corte ("molde "corte +2"; derecha). Cada condición de ajuste comprende proporciones específicas de moldes directos e inversos con cada conjunto de moldes que tienen estructuras variables.

25 La Figura 6 muestra gráficos de amplificación que demuestran la utilidad de la modificación 2'-O-metilo de moldes/cebadores para el "ajuste" de una reacción específica. Se muestran datos de amplificación de ejemplo usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo. Todas las reacciones (por duplicado) contenían 10.000 equivalentes genómicos de ADN Cms. Cada condición de ajuste representa proporciones específicas de moldes directos e inversos con cada conjunto de moldes que tienen estructuras variables. Los círculos rojos demuestran un cambio en el tiempo hasta la detección para cada condición de ajuste. De manera adicional, la fase logarítmica de cada condición se contrajo y la pendiente de la curva se desplazó.

30 La Figura 7 representa el diseño de dos conjuntos de cebadores/moldes (TS3 y TS6) utilizados en un ensayo NEAR para amplificar un fragmento del gen ADH1 de maíz. La región específica objetivo en las secuencias de los conjuntos de cebadores/moldes TS3 y TS6 son significativamente más largas (15-17 bases) que en los conjuntos de cebadores/moldes de ensayos NEAR típicos (9 a 12 bases) en la técnica anterior. En el conjunto de cebador/molde TS3, el bloque de 5 nucleótidos modificados con 2'-O-metilo consecutivos adyacentes al extremo 3' está precedido por una región corriente arriba de nucleótidos modificados con 2'-O-metilo alternando con nucleótidos no modificados que comienzan con un nucleótido modificado con 2' -O-metilo 5 o 4 nucleótidos corriente abajo del sitio de corte, respectivamente. En contraste con TS3, solo hay cinco nucleótidos modificados con 2'-O-metilo en cada uno de los cebadores/moldes del conjunto TS6, que forman un bloque de nucleótidos consecutivos adyacentes al nucleótido no modificado en el extremo 3'. La Figura 7 desvela las SEQ ID NO: 58-61, respectivamente, en orden de aparición.

35 La Figura 8 muestra gráficos de amplificación del ensayo ADH1 utilizando dos conjuntos de cebadores/moldes (TS3 y TS6) registrados en el canal de detección de colorante SYBRVerde.

40 La Figura 9 muestra los gráficos de amplificación de las mismas reacciones de ensayo registradas en el canal ROX.

45 La Figura 10 representa los gráficos de amplificación de las reacciones de ensayo de ADH1 de CNO registradas.

Al comparar los resultados mostrados en las figuras 8 y 9, se hace evidente que solo el conjunto de cebador/molde TS3 produce el amplicón específico de ADH1, mientras que la señal generada por el conjunto TS6 se basa principalmente en la amplificación no específica de productos de fondo detectados solo por SYBRverde.

5 **Descripción detallada de la invención**

La invención presenta procedimientos que son útiles para la cuantificación de una molécula de ácido nucleico objetivo en una reacción isotérmica. En realizaciones particulares, la invención proporciona procedimientos para la cuantificación de una molécula de ácido nucleico objetivo en una reacción NEAR (por ejemplo, en tiempo real).

10 La invención se basa, al menos en parte, sobre el sorprendente descubrimiento de que los oligonucleótidos de molde-cebador que comprenden un nucleótido modificado con 2'-O-metilo reduce o elimina la amplificación ilegítima por derivados deficientes en exonucleasa 5'-3' de la ADN polimerasa Bst I.

Reacción NEAR.

15 La reacción NEAR se ha utilizado como una reacción de punto final que proporciona la detección no cuantitativa de oligonucleótidos objetivo. El ensayo NEAR convencional comprende (1) una molécula de ácido nucleico objetivo; (2) dos moléculas de oligonucleótidos que son análogas a las moléculas cebadoras de PCR; denominados "cebadores de molde" que comprenden cierto número de oligonucleótidos que son complementarios a la molécula de ácido nucleico objetivo y un sitio que puede ser escindido por una enzima de corte; (3) dNTP; (4) una hebra que se desplaza, polimerasa deficiente en exonucleasa 5'-3'; y (5) una enzima de corte. Los procedimientos actuales para cuantificar la reacción NEAR, particularmente en tiempo real, son inadecuados debido en parte a la amplificación ilegítima de moléculas no objetivo presentes en una muestra que puede ocultar la detección de secuencias objetivo en una reacción NEAR convencional. Por ejemplo, existe una amplificación indeseable constante en las reacciones NEAR que da como resultado una señal detectable en ausencia de una molécula objetivo o con señales que no reflejan con precisión la cantidad de molécula de ácido nucleico objetivo presente en la reacción. Aunque esto permite la detección de un producto de punto final, no proporciona una monitorización en tiempo real de la reacción.

25 La presente invención describe oligonucleótidos de cebador/molde modificados que superan el problema de cuantificar con precisión una molécula de ácido nucleico objetivo en una reacción NEAR. Es particularmente útil para cuantificar una molécula de ácido nucleico objetivo en una reacción NEAR en tiempo real. La invención se basa, al menos en parte, en el descubrimiento de que los oligonucleótidos de cebador-molde que comprenden un nucleótido modificado con 2'-O-metilo reducen o eliminan la amplificación ilegítima sin evitar la extensión de dichos cebador-moldes para amplificar el producto específico. Los oligonucleótidos de cebador/molde descritos en el presente documento son útiles en las reacciones NEAR que comprenden uno o más de los componentes NEAR mencionados anteriormente.

35 En otras realizaciones, la invención proporciona procedimientos que usan oligonucleótidos de cebador-molde que comprenden un 2'-O-metilo que se coloca en o adyacente al extremo 3' del cebador-molde. Sorprendentemente, los nucleótidos de 2'-O-metilo ubicados en la región 3'-terminal de un cebador-molde no solo comprenden sustratos de cebado efectivos para derivados deficientes en exonucleasa 5'-3' de la ADN polimerasa Bst I en reacciones de amplificación de ADN isotérmicas, pero el uso de tales cebador-moldes modificados suprime completamente la amplificación inespecífica de cebador-dímero. Esto es particularmente sorprendente porque el pensamiento convencional en el campo de la amplificación de ADN isotérmica enseña que los nucleótidos modificados (por ejemplo, ribonucleótidos 2'-O-metilo, ribonucleótidos no modificados) solo podrían introducirse en la región 5'-terminal del cebador/molde lejos del extremo 3', porque se demostró que la colocación de 2'-O-metilo, así como de ribonucleótidos dentro de 6 nucleótidos del extremo 3' de un cebador, inhiben la extensión del cebador por las ADN polimerasas (incluidas como referencias la solicitud de patente de Amersham y la patente de Qiagen) Los derivados deficientes en exonucleasa 5'-3' de la ADN polimerasa Bst que utilizó el inventor en NEAR y otras tecnologías de amplificación isotérmica (LAMP) pertenecen a las ADN polimerasas bacterianas de tipo polA implicadas en procesos de reparación de ADN de baja fidelidad de síntesis. Por el contrario, la replicación del genoma de alta fidelidad en bacterias es catalizada por las holoenzimas de ADN polimerasa III de tipo DNAE y POLC, que utilizan exclusivamente cebadores de ARN para iniciar la replicación del ADN. En la técnica anterior publicada, se pensaba que la discriminación entre los cebadores de ARN y ADN era un mecanismo para prevenir la interferencia de enzimas de ADN polimerasa I de alta tasa de error con replicación del genoma de alta fidelidad. En este contexto, el sorprendente descubrimiento de que los derivados de la ADN polimerasa Bst I pueden utilizar eficientemente ribonucleótidos modificados en 2' como cebadores para la síntesis de ADN es notable y contraintuitivo.

Diseño de cebador-molde

55 Las estructuras de ejemplo de entidades de detención de la polimerasa de 5' a 3' comprenden una secuencia estabilizadora, secuencia de reconocimiento de enzimas de corte, secuencia espaciadora de enzimas de corte y secuencia de reconocimiento específica de objetivo, comprendiendo la secuencia de reconocimiento específica de objetivo uno o más nucleótidos modificados con 2'-O-metilo. Sin quedar ligado a teoría alguna, se ha hipotetizado que la incorporación de uno o más nucleótidos modificados en 2' en las regiones de reconocimiento hace que esas

regiones modificadas no sean adecuadas para servir como molde para la extensión de polimerasa en complejos intermoleculares y/o intramoleculares inespecíficos formados por interacciones de cebadores/molde (por ejemplo, formación de cebador-dímero) y, por lo tanto, reduce o elimina la señal de fondo en la amplificación isotérmica. El nucleótido modificado en 2' tiene, preferentemente, una base que se empareja con la secuencia objetivo. En realizaciones particulares, dos o más nucleótidos modificados en 2' (por ejemplo, 2, 3, 4, 5 o más nucleótidos modificados en 2') en la región de reconocimiento específica del objetivo son contiguos (por ejemplo, un bloque de nucleótidos modificados). En algunas realizaciones, el bloque de nucleótidos modificados en 2' se coloca en el extremo 3' de la región de reconocimiento específica del objetivo. Los solicitantes han descubierto que el posicionamiento de uno o más nucleótidos modificados en 2' o de un bloque de nucleótidos modificados en 2' altera la cinética de amplificación. Los solicitantes también han descubierto que en las regiones de reconocimiento que superan los 12 nucleótidos de longitud en un solo bloque de 5 nucleótidos modificados en 2' consecutivos no es suficiente suprimir la amplificación inespecífica y, por lo tanto, toda la región de reconocimiento hasta 4 o 5 nucleótidos corriente abajo del sitio de corte debe estar sustituida por nucleótidos modificados en 2' que se alternan con nucleótidos no modificados.

Se describe además que se pueden usar relaciones de un oligo cebador/molde que tiene uno o más nucleótidos modificados en 2' para alterar el tiempo de detección y/o la eficiencia de la reacción para el 'ajuste' de las reacciones, lo que da como resultado en un control predecible sobre la cinética de amplificación. El incremento de la proporción del oligo de cebador/molde que tiene uno o más nucleótidos modificados en 2' en el extremo 3' de la secuencia de reconocimiento respecto al oligo de cebador/molde que tiene uno o más nucleótidos modificados en 2' en el extremo 5' de la secuencia de reconocimiento contrajo la curva de la señal y desplazó la pendiente de la curva. Es ventajoso poder "ajustar" una reacción proporcionando un medio para manipular tanto el tiempo de detección como la eficacia de la reacción. La cuantificación relativa utilizando un control interno requiere que se cumplan dos condiciones importantes. En primer lugar, es beneficioso poder modificar el tiempo de detección de una reacción, creando una condición de reacción no competitiva. Por tanto, afectando a la reacción de control para que sea detectable en un momento posterior (en relación con el objetivo de interés), la reacción de control no supera al objetivo de interés específico, incluso cuando el objetivo de interés se encuentra en una abundancia inicial baja. En segundo lugar, para asegurar un verdadero cálculo de abundancia relativa, se requiere que el control y las reacciones específicas del objetivo tengan eficiencias similares. El control de la eficiencia de cada reacción usando una condición de "ajuste" permite la equivalencia de las reacciones, permitiendo cálculos de cuantificación relativa satisfactorios. El ajuste de las reacciones se puede usar para igualar las eficiencias de la amplificación de ácido nucleico objetivo y la amplificación del ácido nucleico de referencia (por ejemplo, patrón interno) en la PCR cuantitativa (cPCR). De manera adicional, las curvas de amplificación del ácido nucleico objetivo y el patrón interno pueden alterarse para que se separe el tiempo de detección de sus productos de amplificación, mientras proporciona la misma eficiencia para la amplificación del ácido nucleico objetivo y la amplificación del patrón interno. Mediante el uso de combinaciones y proporciones específicas de las estructuras de oligonucleótidos dentro de una reacción, es posible crear condiciones que permitan un rendimiento de reacción ajustado.

También se describen pares de cebador/molde que se construyen con una configuración de tallo y bucle. El extremo 5' del oligonucleótido de cebador/molde comprende una región autocomplementaria que forma al menos parte del tallo. También se describen tallos que abarcan además al menos una parte o la totalidad de la secuencia de reconocimiento de enzimas de corte. Se describe adicionalmente en el presente documento que la secuencia de reconocimiento de la enzima de corte en las cebadores/molde no es parte de la estructura del tallo bicatenario, pero reside dentro del bucle mayoritariamente monocatenario. Este sitio de reconocimiento de enzimas de corte está unido en el extremo 3' a un sitio libre de estructura secundaria que comprende un sitio de corte que está unido en el extremo 3' a una secuencia que es complementaria a una secuencia objetivo. Si se desea, la secuencia que es complementaria a la secuencia objetivo puede comprender una estructura secundaria o puede estar libre de estructura secundaria. La presencia de ausencia de estructura secundaria, que puede comprender una región autocomplementaria, se determinará para optimizar el ensayo NEAR particular.

También se describen procedimientos, que proporcionan una reacción NEAR que comprende los componentes NEAR estándar, pero también comprende una enzima capaz de cortar un nucleótido de ARN cuando está presente en un heterodúplex con una hebra de ADN complementaria. En un ejemplo, el nucleótido de ARN escindido estará presente en una cadena de 4-15 nucleótidos de ARN no escindibles (es decir, O-2-Me-ARN) hacia el extremo 5' de la región complementaria objetivo del PTO y el extremo 3' del oligonucleótido molde tendrá una "tapa" en el extremo 3'-terminal. Solo después de la hibridación adecuada completa del oligonucleótido molde, con la molécula de corte heterodúplex (es decir, ARNasa H) podrá escindir la base de ARN, creando un extremo 3' para que la enzima de traducción de corte se extienda desde; y permitiendo que la reacción NEAR progrese hasta su finalización. La unión aberrante del molde (dímeros de cebadores, hibridación parcial no objetivo, etc.) no conducirá a la formación del heterodúplex de ARN-ADN; y así evitar la progresión de la reacción NEAR. Estos moldes solo se amplificarán después de unirse a una secuencia de nucleótidos complementaria mediante la eliminación de la "tapa" de la extensión de polimerasa 3'. Esto conducirá a un mayor nivel de especificidad y sensibilidad de la reacción NEAR.

Los oligonucleótidos molde como se describen en el presente documento se incluyen en una reacción NEAR que comprende (1) una molécula de ácido nucleico objetivo; (2) dos moléculas de oligonucleótido molde que comprenden cierto número de oligonucleótidos que son complementarios a la molécula de ácido nucleico objetivo y un sitio que puede ser escindido por una enzima de corte y compuesto por 4-15 nucleótidos de ARN, uno de los

cuales es responsable de ARNasa; (3) dNTP; (4) polimerasa de desplazamiento de hebra; (5) una enzima de corte; y (6) una enzima de corte de ARN de heterodúplex de ADN-ARN y una tapa de extensión de polimerasa terminal 3'. Por consiguiente, la invención proporciona un procedimiento para usar estos componentes para cuantificar una molécula de ácido nucleico objetivo.

5 El procedimiento implica

(a) poner en contacto una molécula de ácido nucleico objetivo en condiciones sustancialmente isotérmicas con una polimerasa deficiente en exonucleasa, dos o más oligonucleótidos cebadores, en el que cada uno de los oligonucleótidos cebadores comprende de 5' a 3':

- 10 i. una secuencia de reconocimiento de enzimas de corte;
 ii. una secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y
 iii. uno o más nucleótidos modificados con 2'-O-metilo colocados en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y

una enzima de corte que se une a la secuencia de reconocimiento de la enzima de corte en el ADN bicatenario y corta una hebra del ADN bicatenario en un sitio de corte y una sonda polinucleotídica detectable;

- 15 (b) generar amplicones que comprenden al menos una porción de dicha molécula de ácido nucleico objetivo; y
 (c) detectar una señal específica para la hibridación de la sonda oligonucleotídica con la molécula de ácido nucleico objetivo o su amplicón, en el que la señal indica la cantidad de la molécula de ácido nucleico objetivo presente en la muestra o un amplicón de la misma.

Moléculas de ácido nucleico objetivo

20 Los procedimientos de la invención son útiles para la identificación de una molécula de ácido nucleico objetivo en una muestra de prueba. Las secuencias objetivo se amplifican a partir de prácticamente cualquier muestra que comprenda una molécula de ácido nucleico objetivo, incluyendo, pero sin limitaciones, muestras que comprenden hongos, esporas, virus o células (por ejemplo, procariotas, eucariotas). En realizaciones específicas, las composiciones y procedimientos de la invención detectan *Clavibacter michiganensis subsp. michiganensis*,
 25 *Clavibacter michiganensis subsp. sepedonicus*, *Pseudomonas syringae pv Tomato*, *Xanthomonas campestris pv Vesicatoria*, *Alternaria spp*, *Cladosporium spp*, *Fusarium oxysporum*, *Verticillium dahlia*, *Pseudomonas currugata*, *Erwinia carotovora* y *Ralstonia solanacearum*. Las muestras de prueba de ejemplo incluyen fluidos corporales (por ejemplo, sangre, suero, plasma, líquido amniótico, esputo, orina, líquido cefalorraquídeo, linfa, fluido lagrimal, heces o fluido gástrico), extractos de tejidos, medios de cultivo (por ejemplo, un líquido en el que una célula, tal como una célula patógena, se ha cultivado), muestras ambientales, productos agrícolas u otros productos alimenticios, y sus extractos, marcadores de identificación de ADN. Si se desea, la muestra se purifica antes de su inclusión en una reacción NEAR usando cualquier procedimiento estándar típicamente utilizado para aislar una molécula de ácido nucleico de una muestra biológica.

35 En una realización, los oligonucleótidos cebador/molde amplifican un ácido nucleico objetivo de un patógeno para detectar la presencia de un patógeno en una muestra. Los agentes patógenos de ejemplo incluyen hongos, bacterias, virus y levaduras. Dichos patógenos pueden detectarse identificando una molécula de ácido nucleico que codifica una proteína patogénica, tal como una toxina, en una muestra de prueba. Las toxinas de ejemplo incluyen, pero sin limitaciones, aflatoxina, toxina del cólera, toxina diftérica, toxina de Salmonella, toxina Shiga, toxina de *Clostridium botulinum*, endotoxina y micotoxina. Para aplicaciones ambientales, las muestras de prueba pueden
 40 incluir agua, extractos líquidos de filtros de aire, muestras de terreno, materiales de construcción (por ejemplo, cartón yeso, tejas del techo, tablero de pared, telas, papel de pared y revestimientos de suelo), hisopos ambientales, o cualquier otra muestra.

45 En una realización desvelada en el presente documento, los oligonucleótidos cebador/molde amplifican un ácido nucleico objetivo de planta utilizado como control interno en experimentos de mejoramiento molecular orientados hacia la mejora de, por ejemplo, la resistencia de la planta a la sequía, la resistencia de la planta a los herbicidas, a la depredación por insectos dañinos. Un ejemplo de tal nucleico objetivo de control interno reducido a la práctica en el presente documento es el gen ADH1 (alcohol deshidrogenasa 1) del maíz.

50 Las moléculas de ácido nucleico objetivo incluyen moléculas de ácido nucleico bicatenarias y monocatenarias (por ejemplo, ADN, ARN y otros polímeros de bases nitrogenadas conocidos en la técnica capaces de hibridarse con una molécula de ácido nucleico descrita en el presente documento). Las moléculas de ARN adecuadas para la detección con una sonda oligonucleotídica detectable o un oligonucleótido cebador/molde detectable de la invención incluyen, aunque sin limitaciones, moléculas de ARN bicatenarias y monocatenarias que comprenden una secuencia objetivo (por ejemplo, ARN mensajero, ARN viral, ARN ribosómico, ARN de transferencia, microARN y precursores de microARN, y ARNip u otros ARN descritos en el presente documento o conocidos en la técnica). Las moléculas de
 55 ADN adecuadas para la detección con una sonda oligonucleotídica detectable u oligonucleótido cebador/molde de la invención incluyen, aunque sin limitaciones, ADN bicatenario (por ejemplo, ADN genómico, ADN plásmido, ADN mitocondrial, ADN viral y ADN bicatenario sintético). Las moléculas de ácido nucleico objetivo de ADN monocatenario incluyen, por ejemplo, ADN viral, ADNc y ADN monocatenario sintético u otros tipos de ADN

conocidos en la técnica.

En general, una secuencia objetivo para la detección tiene entre 10 y 100 nucleótidos de longitud (por ejemplo, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100 nucleótidos. El contenido de GC de la molécula de ácido nucleico objetivo se selecciona para que sea inferior a aproximadamente 45, 50, 55 o 60 %. De forma deseable, la secuencia objetivo y las enzimas de corte se seleccionan de manera que la secuencia objetivo no contenga sitios de corte para ninguna enzima de corte que se incluirá en la mezcla de reacción.

Sondas oligonucleotídicas detectables

La presente invención proporciona la detección cuantitativa de moléculas de ácido nucleico objetivo o de sus amplicones en una reacción NEAR usando sondas polinucleotídicas detectables no amplificables que comprenden al menos una molécula de detención de polimerasa (por ejemplo, modificación de nucleótidos u otro resto que hace que el oligonucleótido sea capaz de unir una molécula de ácido nucleico objetivo, pero incapaz de soportar la extensión del molde utilizando la sonda oligonucleotídica detectable como objetivo). Sin desear quedar ligado a teoría alguna, la presencia de uno o más restos que no permite la progresión de la polimerasa probablemente causa la detención de la polimerasa en adiciones de la cadena principal de ácido no nucleico al oligonucleótido o mediante el estancamiento de una polimerasa replicativa (es decir, espaciador C3, bases de ADN dañadas, otro resto espaciador, bases O-2-Me). Por tanto, estas construcciones evitan o reducen la amplificación ilegítima de la sonda durante el curso de una reacción NEAR. Esto las distingue de las sondas de detección convencionales, que debe añadirse al final de la reacción NEAR para evitar su amplificación.

Las sondas de detección convencionales han resultado poco prácticas para cuantificar una reacción NEAR en tiempo real. Si se incorporan sondas de detección convencionales en la reacción NEAR, estas sondas de detección convencionales se amplifican simultáneamente con el objetivo. La amplificación de estas moléculas de detección enmascara la detección de amplicones objetivo legítimos debido al número de moléculas de inicio de la sonda de detección de detección al comienzo de la reacción.

La invención describe una sonda polinucleotídica detectable no amplificable que comprende al menos una molécula que detiene la polimerasa. Una detención de polimerasa como se describe en el presente documento incluye, aunque sin limitaciones, una modificación de nucleótidos u otro resto que bloquea la extensión del cebador-molde mediante las ADN polimerasas replicativas, evitando de este modo la amplificación de las moléculas de detección; pero puede permitir la hibridación adecuada o la separación de nucleótidos a la molécula objetivo o copias amplificadas de la molécula objetivo. Se describe que una sonda oligonucleotídica detectable comprende un espaciador de 3 carbonos (espaciador C3) que evita o reduce la amplificación ilegítima de una molécula de detección.

Como se describe en el presente documento, la sonda oligonucleotídica detectable de la invención es un oligonucleótido con forma de horquilla que comprende un resto detectable, o la sonda polinucleotídica detectable no amplificable es un oligonucleótido con forma de horquilla que comprende un fluoróforo en un extremo y un colorante de inactivación en el extremo opuesto. El bucle de la horquilla comprende una secuencia que es complementaria y capaz de hibridarse con una secuencia objetivo. El tallo de la horquilla se forma mediante la hibridación de las secuencias de brazo complementarias ubicadas a ambos lados del bucle. Un fluoróforo y una molécula de inactivación están unidos covalentemente en los extremos opuestos de cada brazo. Cuando la sonda oligonucleotídica detectable está en la configuración de horquilla, las moléculas fluorescentes y de inactivación son proximales entre sí, conduciendo así a la transferencia de energía de resonancia de fluorescencia (FRET) y a la inactivación de la fluorescencia del fluoróforo. Cuando la sonda oligonucleotídica detectable encuentra una molécula objetivo, se produce hibridación; la estructura de bucle se convierte en una conformación dúplex con la molécula objetivo, causando la separación de las moléculas de fluoróforo y de inactivación que dan como resultado fluorescencia (Tyagi y col., Nature Biotechnology 14: marzo de 1996, 303-308).

Las sondas oligonucleotídicas detectables son específicas de la secuencia objetivo. En una realización, una sonda oligonucleotídica detectable comprende una o más bases de nucleótidos modificadas que tienen una afinidad de unión mejorada con un nucleótido complementario, en la que las bases incluyen amiditas de 2'OMe ARN (que también funcionan como una molécula que detiene la polimerasa). Las sondas oligonucleotídicas detectables pueden sintetizarse con fluoróforos de diferentes colores y pueden diseñarse para hibridarse con prácticamente cualquier secuencia objetivo. En vista de su notable especificidad, una sonda polinucleotídica detectable no amplificable como se describe en el presente documento se usa para detectar una sola molécula de ácido nucleico objetivo en una muestra, o se usa en combinación con sondas oligonucleotídicas detectables, cada una de las cuales se une a una molécula de ácido nucleico objetivo diferente. Por consiguiente, las sondas polinucleotídicas detectables no amplificables como se describe en el presente documento pueden usarse para detectar una o más moléculas de ácido nucleico objetivo en la misma reacción, permitiendo cuantificar estos objetivos de forma simultánea. La presente invención describe el uso de tales fluoróforos junto con las sondas oligonucleotídicas detectables descritas en el presente documento.

Uso de sondas polinucleotídicas detectables no amplificables

Las sondas polinucleotídicas detectables no amplificables son útiles en procedimientos para cuantificar una molécula de ácido nucleico objetivo en una reacción de amplificación de corte y extensión (NEAR). El procedimiento implica cuantificar un producto específico en una reacción de amplificación de corte y extensión, comprendiendo el procedimiento:

- 5 (a) poner en contacto una molécula de ácido nucleico objetivo en condiciones sustancialmente isotérmicas con una polimerasa deficiente en exonucleasa, dos o más oligonucleótidos cebadores, en el que cada uno de los oligonucleótidos cebadores comprende de 5' a 3':

- i. una secuencia de reconocimiento de enzimas de corte;
 ii. una secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y
 10 iii. uno o más nucleótidos modificados con 2'-O-metil colocados en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y

una enzima de corte que se une a la secuencia de reconocimiento de la enzima de corte en el ADN bicatenario y corta una hebra del ADN bicatenario en un sitio de corte y una sonda polinucleotídica detectable;

- (b) generar amplicones que comprenden al menos una porción de dicha molécula de ácido nucleico objetivo; y
 15 (c) detectar una señal específica para la hibridación de la sonda oligonucleotídica con la molécula de ácido nucleico objetivo o su amplicón, en el que la señal indica la cantidad de la molécula de ácido nucleico objetivo presente en la muestra o un amplicón de la misma. Ventajosamente, tales procedimientos son útiles para monitorizar NEAR en tiempo real.

En general, las sondas polinucleotídicas detectables no amplificables como se describen en el presente documento se incluyen en una reacción NEAR que comprende (1) una molécula de ácido nucleico objetivo; (2) dos moléculas de oligonucleótidos molde que comprenden cierto número de oligonucleótidos que son complementarios a la molécula de ácido nucleico objetivo y un sitio que puede ser escindido por una enzima de corte; (3) dNTP; (4) polimerasa de desplazamiento de hebra; y (5) una enzima de corte. Por consiguiente, la invención proporciona un procedimiento para usar estos componentes para cuantificar una molécula de ácido nucleico objetivo.

25 Ensayos NEAR

La invención proporciona la detección de moléculas de ácido nucleico objetivo amplificadas en un ensayo NEAR. Dichos procedimientos se conocen en la técnica y se describen en el presente documento. Véanse, por ejemplo, la publicación de la solicitud de patente de Estados Unidos 2009/0081670, la solicitud PCT 2009/012246 y las patentes de Estados Unidos n.º 7.112.423 y 7.282.328. Las polimerasas útiles en los procedimientos descritos en el presente documento son capaces de catalizar la incorporación de nucleótidos para extender un terminal hidroxilo en 3' de un oligonucleótido (por ejemplo, un oligonucleótido cebador/molde u otro cebador) unido a una molécula de ácido nucleico objetivo. Dichas polimerasas incluyen aquellas que son termofílicas y/o que son capaces de desplazamiento de hebra. Las polimerasas útiles en los procedimientos descritos en el presente documento carecen de una actividad de exonucleasa 5'-3', que, de lo contrario, degradarían la hebra de ácido nucleico monocatenario desplazada. La polimerasa también tiene actividad de transcriptasa inversa (por ejemplo, derivados de la ADN polimerasa Bst (fragmento grande), ADN polimerasa Therminator, ADN polimerasa Therminator II). Las polimerasas de ejemplo incluyen, pero sin limitaciones, los fragmentos grandes Bst de la ADN polimerasa Bst I, ADN polimerasa I de *E. coli* (fragmento Klenow), fragmento Klenow (3'-5' exo-), ADN polimerasa de T4, ADN polimerasa de T7, Deep Vent_R, (exo-) ADN polimerasa, ADN polimerasa Deep Vent_R, Therminator, ADN polimerasa II Therminator, ADN polimerasa AmpliTherm, ADN polimerasa SP6. Los siguientes ejemplos no limitantes de transcriptasas inversas (RT) se pueden usar en las reacciones del presente procedimiento para mejorar el rendimiento al detectar una secuencia de ARN: OmniScript (Qiagen), SensiScript (Qiagen), MonsterScript (Epicentre), Transcriptor (Roche), RT del VIH (Ambion), SuperScript III (Invitrogen), ThermoScript (Invitrogen), Thermo-X (Invitrogen), ImProm II (Promega).

Una enzima de corte se une a una secuencia de reconocimiento en el ADN bicatenario y corta una hebra de una hélice bicatenaria. Las enzimas de corte pueden escindirse corriente arriba o corriente abajo de su sitio de reconocimiento o dentro del sitio de reconocimiento de la enzima. Para los procedimientos desvelados en el presente documento, solo las enzimas de corte que cortan la hebra superior corriente abajo del sitio de reconocimiento se pueden usar para lanzar ciclos repetitivos de corte de ADN de sustrato y de corte y extensión por la polimerasa para impulsar la amplificación exponencial del fragmento nucleico objetivo entre el cebador-molde. Idealmente, la enzima de corte es funcional en las mismas condiciones de reacción que la polimerasa. En una realización preferida de la invención, la enzima de corte es termoestable y activa entre 50 °C y 60 °C. Los ejemplos de enzimas de corte útiles para los procedimientos desvelados en el presente documento incluyen, aunque sin limitaciones, Nt.BspQI (NEB), Nt.BspD6I, Nt.BsmAI (NEB), , Nt.AlwI (NEB), Nt.BbvCI (NEB), N.Bst9I (Sibenzima) y Nt.Bst-NBI (NEB).

55 Una reacción NEAR típicamente comprende nucleótidos, tales como, por ejemplo, didesoxirribonucleósidos trifosfato (dNTP). La reacción también se puede llevar a cabo en presencia de dNTP que comprenden un resto detectable que incluye, pero sin limitaciones, un radiomarcador (por ejemplo, ³²P, ³³P, ¹²⁵I, ³⁵S) una enzima (por ejemplo fosfatasa alcalina), un marcador fluorescente (por ejemplo, isotiocianato de fluoresceína (FITC)), biotina, avidina, digoxigenina, antígenos, haptenos o fluorocromos. La reacción NEAR comprende además ciertas sales y tampones que

proporcionan la actividad de la enzima de corte y la polimerasa.

La reacción NEAR se lleva a cabo bajo condiciones sustancialmente isotérmicas en las que la temperatura de la reacción es más o menos constante durante el curso de la reacción de amplificación. Debido a que la temperatura no necesita un ciclo entre una temperatura superior y una temperatura inferior, la reacción NEAR puede llevarse a cabo en condiciones en las que sería difícil llevar a cabo una PCR convencional. Típicamente, la reacción se lleva a cabo a aproximadamente entre 35 °C y 90 °C (por ejemplo, 35, 37, 42, 60, 65, 70, 75, 80 u 85 °C). Ventajosamente, no es esencial que la temperatura se mantenga con un alto grado de precisión. Alguna variabilidad en la temperatura es aceptable.

La temperatura de fusión (T_m) y los modificadores de la velocidad de reacción también se pueden usar para reducir la temperatura de fusión de los oligonucleótidos, tales como (pero sin limitaciones) etilenglicol y glicerol. Además, los modificadores de la velocidad de reacción de la ADN polimerasa (tales como la concentración de dNTP y de magnesio) pueden usarse para alterar la velocidad de reacción para conducir a una mayor precisión de la cuantificación.

La presente invención describe además procedimientos de monitorización de una reacción NEAR en tiempo real, utilizando la estrategia de amplificación NEAR como se ha descrito anteriormente y en las patentes US007112423B2 y US20090017452A1. También se describe una NEAR cuantitativa que utiliza la amplificación de ácidos nucleicos objetivo junto con una amplificación de control de cantidad conocida. La cantidad de ácido nucleico objetivo puede calcularse como una cuantificación absoluta o una cuantificación relativa (semicuantitativa) basada en la fuente del control (control exógeno o endógeno).

La cuantificación de la secuencia de nucleótidos desconocida se puede lograr mediante la comparación de la amplificación del umbral logarítmico de lo desconocido con una serie de secuencias objetivo conocidas en un conjunto separado de reacciones o en la misma reacción; o como un producto interno de coamplificación endógena o exógena que produce un valor umbral, indicativo de un resultado positivo (si lo desconocido supera el umbral) o negativo (si lo desconocido no supera el umbral).

25 **Aplicaciones**

También se describe la monitorización en tiempo real de la reacción NEAR de amplificación isotérmica que puede proporcionar una medida cuantitativa de la cantidad del ácido nucleico objetivo inicial. Las composiciones y procedimientos de la invención son útiles en el diagnóstico humano, cuando se desea una respuesta cuantitativa rápida (por ejemplo, amplificación detectable en menos de 15, 10, 9, 8, 7, 6, 5 minutos o menos). Por ejemplo, se describe el uso de ensayos de reacción NEAR en diagnósticos humanos en entornos clínicos. También se describe que los ensayos de reacción NEAR se pueden usar en el trabajo de campo de diagnóstico, donde el acceso al equipo de termociclado no está disponible o sería prohibitivamente caro. También se describe el uso de ensayos de reacción NEAR en un entorno académico donde se desean respuestas cuantitativas rápidas.

Kits

Además se describen kits para la amplificación de una molécula de ácido nucleico objetivo. Dichos kits son útiles para la detección o cuantificación de un ácido nucleico objetivo en la muestra biológica obtenida de un sujeto. Los kits pueden comprender, por ejemplo, una o más polimerasas, cebador directo e inverso-moldes y una o más enzimas de corte, como se describe en el presente documento. Cuando se va a amplificar un objetivo, se pueden incluir una o dos enzimas de corte en el kit. Cuando se amplifiquen múltiples secuencias objetivo y los cebador-moldes diseñados para esas secuencias objetivo comprendan los sitios de enzima de corte para la misma enzima de corte, se pueden incluir una o dos enzimas de corte. Cuando los cebador-moldes son reconocidos por diferentes enzimas de corte, se pueden incluir más enzimas de corte en el kit, tales como, por ejemplo, 3 o más.

Además se describe un kit para la amplificación de ácido nucleico que comprende una ADN polimerasa; un cebador-molde primario, un cebador-molde secundario, una enzima de corte con especificidad para un sitio de reconocimiento de enzima de corte dentro de los cebador-moldes y desoxinucleótidos trifosfato (dNTP) (por ejemplo, en una solución tamponada que contiene componentes suficientes para la amplificación). También se describe que el cebador-molde primario y el cebador-molde secundario, cada uno tiene una secuencia de región de reconocimiento específica en el extremo 3' complementaria o sustancialmente complementaria a la secuencia objetivo, donde la región de reconocimiento específica final comprende uno o más nucleótidos modificados en el extremo 2'; una secuencia de cola en el extremo 5' que contiene un sitio de reconocimiento de enzima de corte corriente arriba de las secuencias de la región de reconocimiento específicas del extremo 3'; y una secuencia estabilizadora corriente arriba (5') del sitio de unión a la enzima de corte.

Como se describe en el presente documento, los kits pueden comprender una mezcla homogénea de todos los componentes de la reacción NEAR, incluyendo, pero sin limitación, dNTP, cebador directo e inverso-moldes, enzima de corte, polimerasa, una sonda polinucleotídica específica de objetivo detectable, tampón de reacción y estabilizadores, excepto el ácido nucleico objetivo.

Los kits como se describen en el presente documento también pueden comprender uno o más de los componentes en cualquier número de recipientes separados, envases, tubos (por ejemplo, <0,2 ml, 0,2 ml, 0,6 ml, 1,5 ml, 5,0 ml, >

5,0 ml), viales, placas de microtitulación (por ejemplo, < 96 pocillos, 96 pocillos, 384 pocillos, 1536 pocillos, > 1536 pocillos), Array-Tape, y similares, o los componentes pueden combinarse en varias combinaciones en dichos recipientes. El kit comprende además un par de oligonucleótidos de cebador-molde capaces de unirse y amplificar una secuencia de referencia. También se describe que el kit comprende un recipiente estéril que contiene los oligonucleótidos cebador-molde; tales recipientes pueden ser cajas, ampollas, botellas, viales, tubos, bolsas, bolsitas, envases de tipo blíster u otra forma de recipiente adecuada conocida en la técnica. Dichos recipientes pueden estar hechos de plástico, vidrio, papel laminado, lámina metálica u otros materiales adecuados para contener ácidos nucleicos.

Los componentes del kit pueden, por ejemplo, estar presentes en uno o más recipientes, por ejemplo, todos los componentes pueden estar en un recipiente, o, por ejemplo, las enzimas pueden estar en un recipiente separado de las moldes. Los componentes pueden, por ejemplo, estar desecados (por ejemplo, residuo seco), liofilizados (por ejemplo, torta desecada) o en un tampón estable (por ejemplo, estabilizados químicamente, estabilizados térmicamente). Los componentes desecados pueden, por ejemplo, prepararse mediante liofilización, secarse al vacío y mediante centrifugación y/o secado ambiental. Como se describe en el presente documento, las enzimas polimerasa y de corte están en forma liofilizada en un solo recipiente, y los moldes están liofilizados, desecados por congelación o en tampón, en un recipiente diferente. Como se describe en el presente documento, la polimerasa, las enzimas de corte y los moldes están, en forma liofilizada, en un solo recipiente, o la polimerasa y la enzima de corte pueden estar separadas en diferentes recipientes.

Los kits pueden comprender además, por ejemplo, dNTP utilizados en la reacción, o nucleótidos modificados, cubetas u otros recipientes utilizados para la reacción, o un vial de agua o tampón para rehidratar los componentes liofilizados. El tampón utilizado puede, por ejemplo, ser apropiado tanto para la actividad de polimerasa como de la enzima de corte.

Los kits como se describen en el presente documento también pueden comprender instrucciones para realizar uno o más procedimientos descritos en el presente documento y/o una descripción de una o más composiciones o reactivos descritos en el presente documento. Las instrucciones y/o descripciones pueden estar impresas y pueden incluirse en un prospecto de un kit. Un kit también puede incluir una descripción escrita de una ubicación de Internet que proporcione tales instrucciones o descripciones.

Los kits pueden comprender además reactivos utilizados para procedimientos de detección (por ejemplo, en tiempo real o punto final), tales como, por ejemplo, sondas de hibridación o colorantes de unión a ADN. Los kits pueden comprender además reactivos utilizados para procedimientos de detección, tales como, por ejemplo, reactivos utilizados para FRET, dispositivos de flujo lateral, tiras reactivas, colorante fluorescente, partículas de oro coloidal, partículas de látex, una baliza molecular o perlas de poliestireno. Los componentes de detección pueden incorporarse en un dispositivo de flujo lateral. El dispositivo de flujo lateral puede usarse en un punto de atención.

La práctica de la presente invención emplea, a menos que se indique otra cosa, técnicas convencionales de biología molecular (incluidas técnicas recombinantes), microbiología, biología celular, bioquímica e inmunología, que están dentro del ámbito del experto en la técnica. Dichas técnicas se explican completamente en la bibliografía, tales como, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", segunda edición (Sambrook, 1989); "Oligonucleotide Synthesis" (Gait, 1984); "Animal Cell Culture" (Freshney, 1987); "Methods in Enzymology" "Handbook of Experimental Immunology" (Weir, 1996); "Gene Transfer Vectors for Mammalian Cells" (Miller and Calos, 1987); "Current Protocols in Molecular Biology" (Ausubel, 1987); "PCR: The Polymerase Chain Reaction", (Mullis, 1994); "Current Protocols in Immunology" (Coligan, 1991). Estas técnicas son aplicables a la producción de los polinucleótidos y polipéptidos de la invención, y, como tales, pueden considerarse a la hora de hacer y practicar la invención. En las secciones siguientes se tratarán técnicas particularmente útiles para realizaciones particulares.

Los siguientes ejemplos se presentan para proporcionar a los expertos en la técnica una divulgación y descripción completas de cómo hacer y usar el ensayo, procedimientos de detección y terapéuticos de la invención, y no están destinados a limitar el ámbito de lo que los inventores consideran su invención.

Ejemplos

En la actualidad, la reacción NEAR se utiliza para detectar de forma rápida e isotérmica la presencia o ausencia de un oligonucleótido objetivo en una muestra. Debido a limitaciones técnicas, los procedimientos NEAR convencionales no son adecuados para cuantificar oligonucleótidos objetivo en tiempo real debido, al menos en parte, a la amplificación ilegítima de moléculas no objetivo en la muestra, que oscurece la detección y cuantificación precisa de los amplicones objetivo. La presente invención proporciona composiciones y procedimientos que superan estas limitaciones proporcionando cebadores/moldes detectables que no son susceptibles de amplificación ilegítima. En una realización, un ensayo NEAR cuantificable emplea un cebador que comprende una o más modificaciones 2'-O-Me que previenen o reducen la amplificación ilegítima de las moléculas no objetivo durante la reacción NEAR. En la actualidad, el diseño de los ensayos de amplificación NEAR se limita a regiones muy cortas dentro del ácido nucleico objetivo que tienen al menos un sitio de reconocimiento de enzimas de corte en las proximidades. La síntesis de desplazamiento de hebra iniciada desde este sitio de corte proporciona moléculas de ADN objetivo monocatenario a las que se pueden unir cebador-moldes con regiones específicas de objetivo cortas e iniciar los

ciclos de reacciones de amplificación de la objetivo de corte/extensión con polimerasa. La presente invención proporciona composiciones y procedimientos que superan esta limitación utilizando cebador-moldes con regiones específicas de objetivo más largas, que, por lo tanto, son capaces de invadir hebras entre 50 °C y 60 °C durante la primera fase de la reacción de amplificación sin la ayuda de la síntesis de desplazamiento de hebra. Las regiones específicas de objetivo más largas en los cebador-moldes vienen con la desventaja de proporcionar más espacio real para formar híbridos de ADN inespecíficos con extremos 3' extensibles que pueden lanzar la síntesis de productos de amplificación inespecíficos. Las composiciones en la presente invención mitigan esa desventaja al extender la colocación de nucleótidos modificados en 2' más allá de un bloque en el extremo 3' de cinco nucleótidos modificados consecutivos para cubrir toda la región específica objetivo utilizando una secuencia alternativa de nucleótidos modificados y no modificados en 2'.

Ejemplo 1: Oligonucleótidos cebador-molde que comprenden nucleótidos 2'-O-metilo reducen o eliminan la señal de fondo en la amplificación NEAR.

Cuando se realiza amplificación NEAR sin ácido nucleico objetivo de entrada (es decir, Controles No Objetivo; CNO), se genera señal a pesar de la ausencia del molde. Por tanto, la generación de la señal de fondo tiene el potencial de disminuir la precisión de la cuantificación del ácido nucleico objetivo utilizando la amplificación NEAR. Se planteó la hipótesis de que la señal de fondo se generaba, en parte, mediante la formación de cebador-dímeros mediante oligonucleótidos de cebador/molde. Sin quedar ligado a teoría alguna, las estructuras de detención de polimerasa que comprenden nucleótidos modificados en 2' podrían usarse para reducir o eliminar las interacciones intermoleculares y/o intramoleculares de cebadores/moldes (por ejemplo, formación de cebador-dímero), y, por lo tanto, reducir o eliminar la señal de fondo en el ensayo NEAR.

Las estructuras de ejemplo de entidades de detención de la polimerasa de 5' a 3' comprenden una secuencia estabilizadora, secuencia de reconocimiento de enzimas de corte, secuencia espaciadora de enzimas de corte y secuencia de reconocimiento específica de objetivo, la secuencia de reconocimiento específica del objetivo que comprende uno o más nucleótidos modificados en 2' (por ejemplo, ribonucleótidos 2'-O-metilo). Cuando dos o más nucleótidos modificados en 2' están presentes en la secuencia de reconocimiento específica del objetivo, los nucleótidos modificados en 2' pueden ser contiguos (por ejemplo, 2, 3, 4, 5 o más nucleótidos modificados en 2'). La valoración de la molécula de ADN objetivo bicatenario sintético de *Clavibacter michiganensis sepidonicus* (Cms) se evaluó utilizando detección mediante baliza con flúor. El ADN objetivo se diluyó en serie a partir de una solución madre de un ADN sintetizado de 250 pares de bases "unidades de longitud" que se diseñó con la secuencia objetivo y un solo sitio de corte.

La señal en los Controles No Objetivo (CNO) se suprimió en las reacciones que contenían moldes modificados con 2'-O-metilo (Figura 2A). La curva estándar mostró un amplio intervalo dinámico utilizando las reacciones del molde 2'-O-metilo (Figura 2B). Se analizaron muestras (10 µl) de las reacciones de Control No Objetivo mediante HPLC/Espectrometría de masas y se confirmó la supresión de los productos de amplificación de fondo (Figura 2C). Los espectros derivados de las reacciones usando oligos no modificados mostraron un espectro complejo compuesto de múltiples productos de amplificación derivados de productos de fondo no específicos junto con moldes sin reaccionar (Figura 2C, panel izquierdo). Los espectros derivados de las reacciones que usan oligos modificados con 2'-O-metilo mostraron un espectro simple compuesto de moldes sin reaccionar sin la presencia de productos de fondo no específicos (Figura 2C, panel derecho).

Para estudiar el efecto de las reacciones que contienen moldes modificados con 2'-O-metilo en la amplificación de una muestra biológica, se usó *Clavibacter michiganensis sepidonicus* (Cms) genómico como ADN objetivo. Los productos amplificados fueron detectados por SYBR green, que detecta ADN bicatenario (Figuras 3A y 3B) o balizas moleculares, que detectaron un producto específico (Figuras 4A y 4B). Las reacciones estándar se llevaron a cabo con moldes de oligonucleótidos de ADN (Figuras 3A y 4A) y las reacciones que contenían moldes modificados con 2'-O-metilo (ADNble) se llevaron a cabo con oligonucleótidos que contenían un bloque de 5 nucleótidos contiguos de 2'-O-metilo en el extremo 3' en la secuencia de reconocimiento específica del objetivo (Figuras 3B y 4B). La señal en los Controles No Objetivo (CNO) se suprimió en las reacciones que contenían moldes modificados con 2'-O-metilo (Figuras 3B y 4B), mientras que se observa una señal significativa en los Controles No Objetivo (CNO) (figuras 4A y 4B), lo que indica la generación del producto de fondo en ausencia de ADN objetivo.

Por tanto, estos resultados indican que los cebadores que comprenden nucleótidos con 2'-O-metilo reducen o eliminan la señal de fondo en la amplificación NEAR.

Ejemplo 2: El posicionamiento de los nucleótidos de 2'-O-metilo en oligonucleótidos cebador/molde alteró el tiempo de detección y la eficiencia de las reacciones NEAR.

Se usaron entidades de detención de polimerasa de ejemplo que tienen nucleótidos modificados con 2'-O-metilo en diferentes posiciones dentro de la región de especificidad en reacciones de amplificación NEAR y se estudió su cinética de reacción. En particular, los cebadores/moldes estudiados incluyeron un par de oligonucleótidos que tienen un bloque de cinco nucleótidos con 2'-O-metilo colocados en el extremo 3' de la región de especificidad o en el extremo 5' de la región de especificidad (2 nucleótidos corriente abajo del sitio de corte) (Figura 5). Las reacciones estándar se llevaron a cabo por duplicado con un bloque de nucleótidos con 2'-O-metilo en el extremo 3'

o comenzando en el 3^{er} nucleótido después del sitio de corte y continuando por 5 bases o una mezcla de estas dos estructuras como se indica. El ADN objetivo fue *Clavibacter michiganensis sepidonicus* genómico (Cms). La detección se basó en baliza molecular a una concentración final de 100 nM.

5 Las entidades modificadoras de la velocidad de reacción que tienen nucleótidos modificados con 2'-O-metilo en diferentes posiciones dentro de la región de especificidad del oligonucleótido cebador/molde mostraron una cinética de amplificación diferente (Figura 6). Las reacciones usando cebadores/molde que tienen un bloque de cinco nucleótidos de 2'-O-metilo en el extremo 3' mostraron una disminución del tiempo de detección (molde "Terminal"; 170 segundos) en comparación con los cebadores/molde que tienen un bloque de cinco nucleótidos con 2'-O-metilo que comienzan en el 3^{er} nucleótido después del sitio de corte ("molde "Corte +2" "; 430 segundos). Por tanto, se planteó la hipótesis de que las proporciones de los dos oligos cebador/molde se pueden utilizar para manipular el tiempo de detección y/o la eficiencia de la reacción para el "ajuste" de las reacciones. Las reacciones con diferentes proporciones del molde "Terminal": "molde "Corte +2" mostraron un tiempo de detección intermedio entre los dos moldes (Figura 6). De manera adicional, con la proporción creciente de molde "Terminal": molde "Corte +2", la curva se contrajo y la pendiente de la curva se desplazó. Por tanto, se demostró que la colocación de nucleótidos modificados en 2' en oligonucleótidos cebador/molde y las proporciones de oligonucleótidos cebador/molde con nucleótidos modificados en 2' colocados diferencialmente alteraron el tiempo de detección y la eficiencia de las reacciones NEAR. La invención se basa al menos en parte en estos descubrimientos.

Ejemplo 3: Supresión completa de la amplificación inespecífica en ensayos NEAR utilizando cebadores-moldes con regiones específicas de objetivo largas

20 Se diseñó un ensayo NEAR para la cuantificación del gen de la deshidrogenasa 1 de alcohol de maíz (ADH1) utilizando dos conjuntos alternativos de cebadores directo e inverso-moldes (TS3 y TS6). No se pudo ubicar un sitio de reconocimiento de enzimas de corte adecuado dentro de 500 nucleótidos corriente arriba o corriente abajo de la región de secuencia objetivo en el ADN de maíz. Ambos conjuntos de cebadores-moldes presentan regiones complementarias objetivo más largas (16 y 19 nucleótidos, respectivamente) capaces de hibridación mediada por invasión de hebra con el ADN objetivo. En el primer conjunto (TS3), las regiones complementarias objetivo de las cebadores directo e inverso-moldes contienen un bloque de 5 ribonucleótidos modificados con 2'-O-metilo consecutivos inmediatamente corriente arriba del desoxinucleótido 3'-terminal. El resto de la región complementaria de la secuencia objetivo comprende una secuencia de desoxinucleótidos alternos no modificados y ribonucleótidos 2'-O-metilo que comienzan cinco nucleótidos (cebador directo-molde) o cuatro nucleótidos (cebador inverso-molde) corriente abajo del sitio de corte. El segundo conjunto (TS6) de cebador-moldes presenta solo un bloque de cinco ribonucleótidos de 2'-O-metilo adyacentes al desoxinucleótido no modificado en el extremo 3', mientras que el resto de la región complementaria objetivo comprende solo dextrinucleótidos no modificados.

35 Se configuraron reacciones NEAR de diez microlitros en Tris 50 mM a pH 8,0, (NH₄)₂SO₄ 15 mM, Na₂SO₄ 15 mM y MgSO₄ 15 mM usando ADN polimerasa 1 de Bst 3,84 U Warmstart 2.0 (NEB), copias 10K de ADN objetivo ADH1 de maíz sintético, dNTP 0,3 mM, 3 U de enzima de corte Nt.BstNBI, sonda de baliza molecular ADH1 marcada con ROX/BHQ 200 nM, 0,5X de colorante SYBR verde (LifeTechnologies), cebador inverso-molde 1000 nM TS3 o TS6 y cebador directo-molde 100 nM TS3 o TS6. Un conjunto de reacciones de control de ADN no objetivo (CNO) estaban formadas por los mismos componentes sin el ADN objetivo DE ADH1 de maíz sintético. Todas las reacciones se incubaron a 56 °C durante 15 minutos y las señales de fluorescencia se registraron a 520 nm (SYBR verde) y 610 nm (ROX).

Comparación de las gráficas de amplificación de las reacciones que contienen ADN objetivo en los canales de detección de SYBR verde (Figura 8A) y ROX (Figura 8B) con las gráficas de amplificación de las reacciones de CNO en el canal de detección de SYBRverde (Figura 8C)

45 Los resultados notificados en el presente documento se obtuvieron usando los siguientes procedimientos y materiales a menos que se indique lo contrario.

Reacciones de amplificación NEAR

50 Las reacciones (50 µl) contenían MgSO₄ 15 mM, dNTP 0,3 mM, 19,2 unidades de polimerasa Bst, 15 unidades de n.BstNBI, molde 1 1000 nM y molde 2 200 nM. El ADN objetivo era *Clavibacter michiganensis sepidonicus* genómico (Cms) o un "unidades de longitud" basado en las secuencias de Cms. Las moldes y el objetivo se preincubaron juntos a 56 °C durante 30 segundos en un volumen total de 10 µl. La mezcla maestra de los componentes de reacción restantes se preincubó a 56 °C durante 30 segundos en un volumen total de 40 µl. La mezcla maestra se combinó con las moldes y el objetivo, y se incubó a 56 °C durante 10 minutos con detección fluorescente (SYBR verde o balizas moleculares) recogidos cada 10 segundos durante la incubación. Las reacciones se "inactivaron con calor" con una etapa de 2 minutos a 95 °C, seguida de un retorno a la temperatura ambiente. Los equivalentes de umbral de ciclo (Ct) se determinaron para cada reacción basándose en una fórmula de ajuste de curva en el software Biorad IQ5 y los valores se representaron en un gráfico usando Microsoft Excel. Se realizó una regresión lineal y se determinó un coeficiente de correlación (R²).

REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento para cuantificar un producto específico en una reacción de amplificación de corte y extensión, comprendiendo el procedimiento:

5 (a) poner en contacto una molécula de ácido nucleico objetivo en condiciones sustancialmente isotérmicas con una polimerasa deficiente en exonucleasa, dos o más oligonucleótidos cebadores, en el que cada uno de los oligonucleótidos cebadores comprende de 5' a 3':

- i. una secuencia de reconocimiento de enzimas de corte;
- ii. una secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y
- 10 iii. uno o más nucleótidos modificados con 2'-O-metilo colocados en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo; y

una enzima de corte que se une a la secuencia de reconocimiento de la enzima de corte en el ADN bicatenario y corta una hebra del ADN bicatenario en un sitio de corte y una sonda polinucleotídica detectable;

(b) generar amplicones que comprenden al menos una porción de dicha molécula de ácido nucleico objetivo; y

15 (c) detectar una señal específica para la hibridación de la sonda oligonucleotídica con la molécula de ácido nucleico objetivo o su amplicón, en el que la señal indica la cantidad de la molécula de ácido nucleico objetivo presente en la muestra o un amplicón de la misma.

2. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que dos o más nucleótidos modificados en 2' son contiguos.

3. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que 5 nucleótidos contiguos modificados con 2'-O-metilo se colocan en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo.

20 4. Un procedimiento para cuantificar un producto específico en una reacción de amplificación de corte y extensión, comprendiendo el procedimiento:

(a) poner en contacto una molécula de ácido nucleico objetivo en condiciones sustancialmente isotérmicas con una polimerasa, dos oligonucleótidos cebadores, cada uno de los cuales se une específicamente a una secuencia complementaria en la molécula de ácido nucleico objetivo, una enzima de corte que se une a una secuencia de reconocimiento de enzima de corte en ADN bicatenario y corta una hebra del ADN bicatenario, y una sonda polinucleotídica detectable, en el que cada uno de los oligonucleótidos cebadores comprende 5 nucleótidos contiguos modificados con 2'-O-metilo ubicados en el extremo 3' de la secuencia complementaria a la molécula de ácido nucleico objetivo;

25 (b) generar amplicones que comprenden al menos una porción de dicha molécula de ácido nucleico objetivo; y

30 (c) detectar una señal específica para la hibridación de la sonda oligonucleotídica con la molécula de ácido nucleico objetivo o su amplicón, en el que la señal indica la cantidad de la molécula de ácido nucleico objetivo presente en la muestra o un amplicón de la misma.

FIG. 1

Ejemplos de estructuras de entidad de detención de la polimerasa

Posiciones de ejemplo de una sola base de ARN 2'-O-metilo:

5'-TGACTCCATATGGAGTCACATmGGTTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGmGTTTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGmUTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTmUCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTmCATTTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCmATTTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCAmUTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATmUCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTmCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTTCmGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTTCGmUG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTTCGTmG-3'

Posiciones de ejemplo de un bloque de dos bases de ARN 2'-O-metilo contiguas:

5'-TGACTCCATATGGAGTCACATmGmGTTTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGmGmUTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGmUmUCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTmUmCATTTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTmCmATTTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCmAmUTCATTCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCAmUmUCGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATmUmGGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTmCmGTG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTTCmGmUG-3'
 5'-TGACTCCATATGGAGTCACATGGTTCATTTCGmUmG-3'

FIG. 1 continuación

Posiciones de ejemplo de un bloque de tres bases de ARN 2'-O-metilo contiguas:



Posiciones de ejemplo de un bloque de cuatro bases de ARN 2'-O-metilo contiguas:

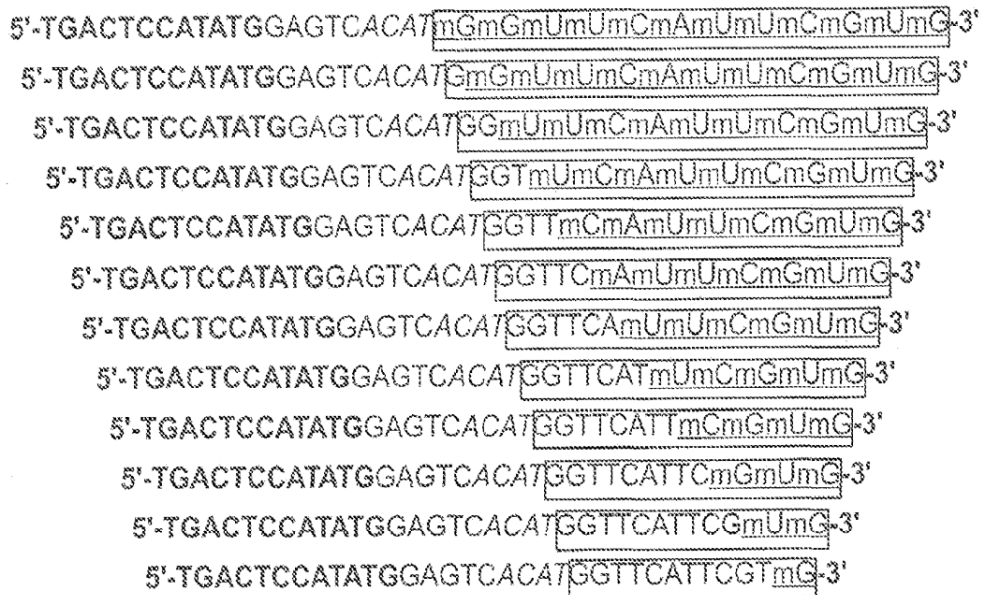


FIG. 1 continuación

Posiciones de ejemplo de un bloque de cinco bases de ARN 2'-O-metilo contiguas:



Posiciones de ejemplo de una base de ARN 2'-O-metilo completamente contiguas:



Clave

Negro = secuencia de estabilización

Azul = Secuencia de reconocimiento de la enzima de corte

Verde = Secuencia espaciadora de la enzima de corte

Rojo = Secuencia de reconocimiento específica de objetivo

A= Adenina

T= Timina

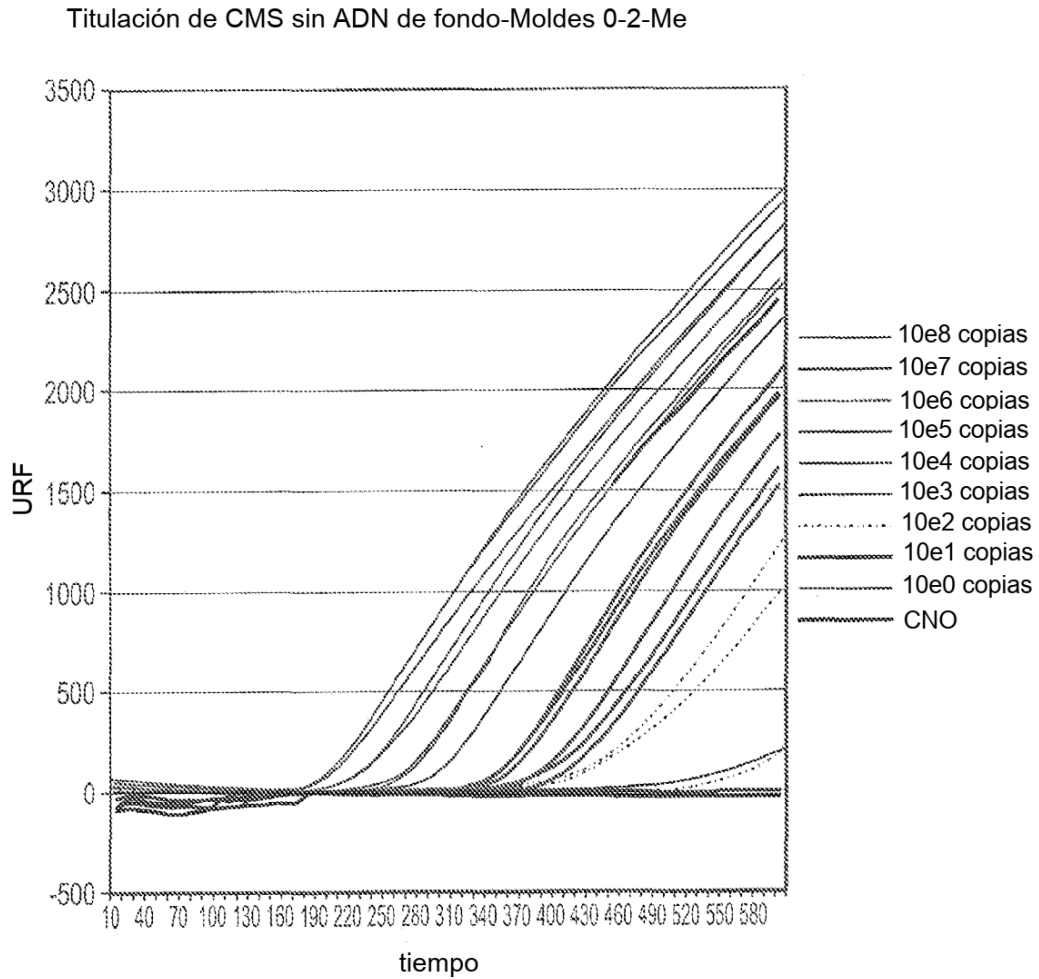
G= Guanina

C= Citosina

U= Uracilo

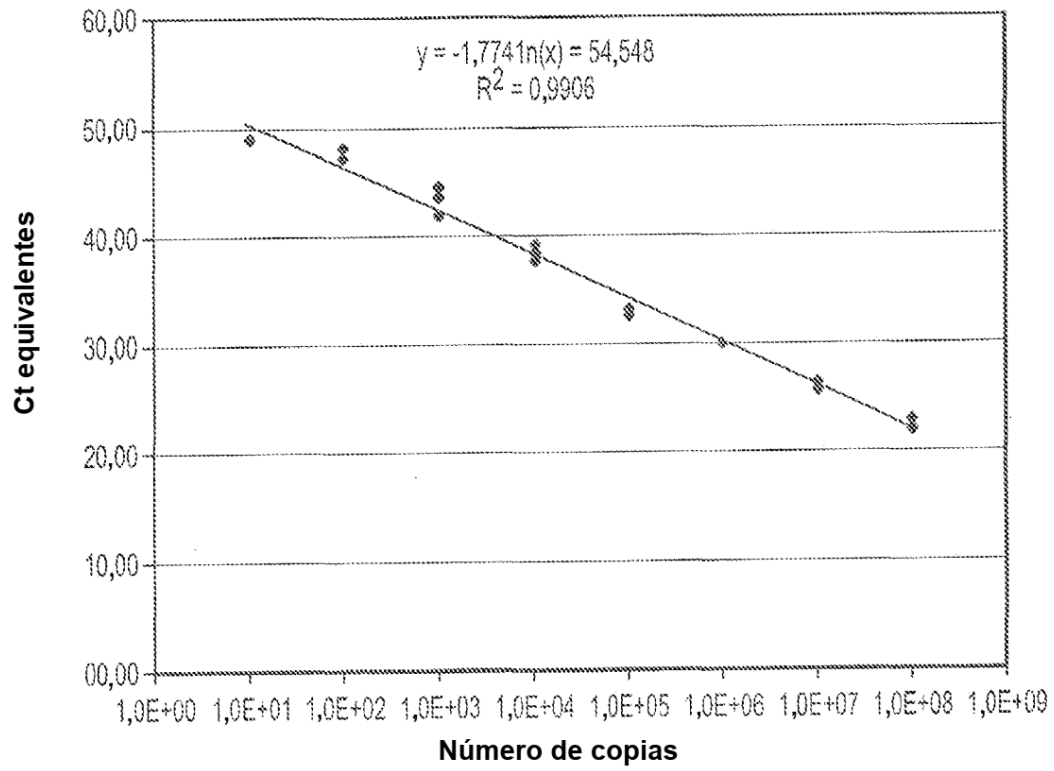
La(s) base(s) subrayada(s) delimitan el segmento de la secuencia modificada

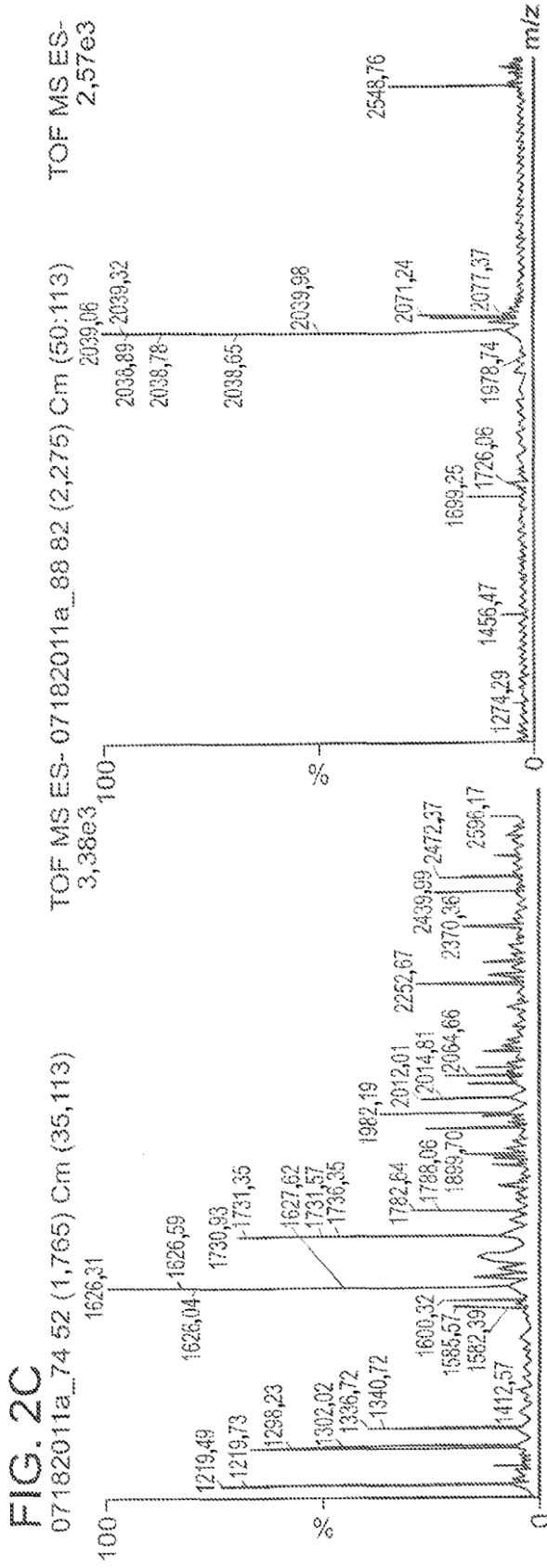
FIG. 2A



Evaluación del intervalo dinámico de las unidades de longitud de Cms sintético.
 Titulación de ejemplo del objetivo "unidades de longitud" de Cms sintético y detección mediante baliza con flúor. La señal en los Controles No Objetivo (CNO) se suprime en las reacciones que contienen el molde modificado con 2'-O-metilo (panel izquierdo). La curva estándar muestra un amplio intervalo dinámico usando las reacciones del molde modificado con 2'-O-metilo (panel derecho).

FIG. 2B



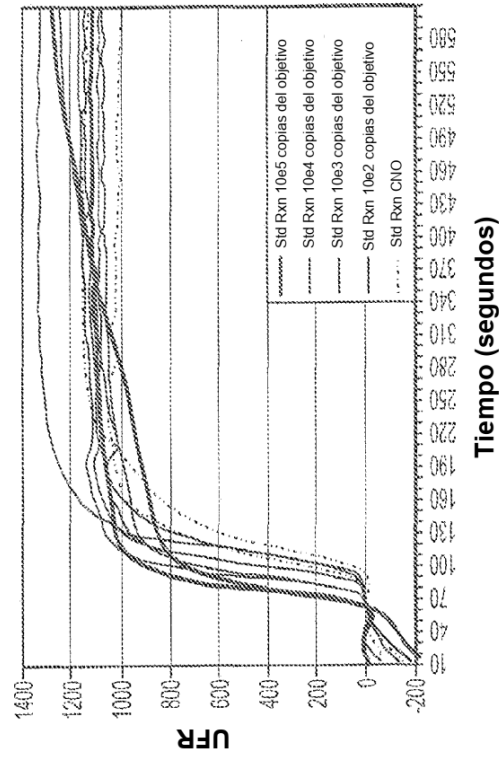


Datos de espectros de masas de ejemplo de los “controles no objetivo (CON)” del sistema de ensayo de Cms usando cebadores/moldes no modificados (panel izquierdo) y modificados con 2'-O-metilo (panel derecho) que muestran la eliminación de productos de amplificación no específicos. Se realizó un ensayo NEAR para Cms sin ácido nucleico objetivo de entrada para determinar el efecto de los cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo sobre la generación de productos de fondo. Los datos del espectro de masas demuestran claramente la eliminación de productos de fondo complejos como se muestra mediante la presencia de solo las especies moleculares previstas en presencia de moldes/cebadores modificados con 2'-O-metilo en comparación con los espectros complejos generados en presencia de moldes/cebadores no modificados

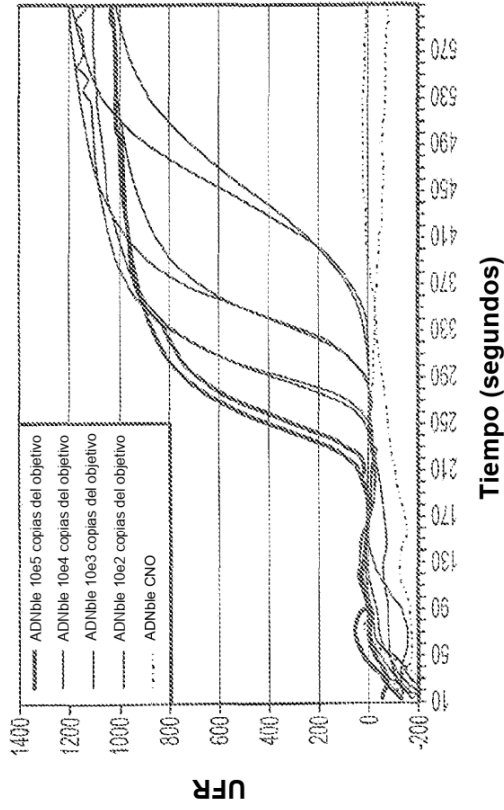
FIG. 3

Detección con SBR Verde I

Moldes estándar originales



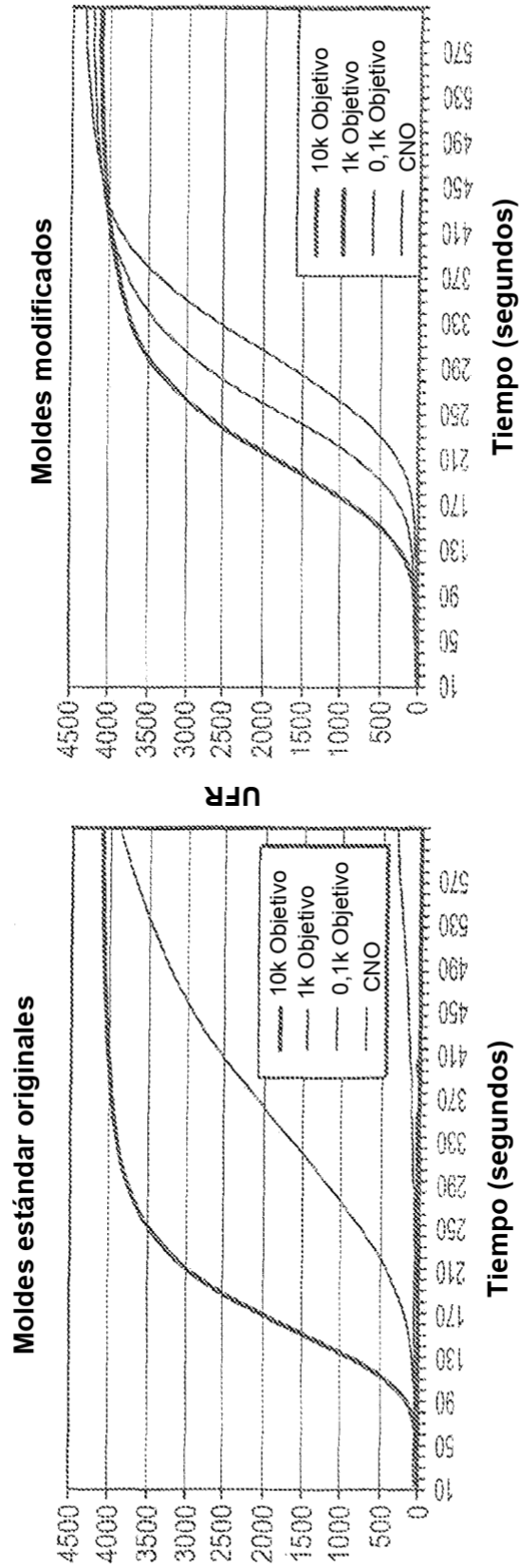
Moldes modificados



O-metilo y la eliminación de productos de amplificación no específicos. Aquí se muestra un ejemplo de ensayo NEAR que demuestra la utilidad de los cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo para la eliminación de la señal de fondo. La señal en los Controles No Objetivo (CNO) se suprime en las reacciones que contienen molde modificado con 2'-O-metilo (panel derecho), mientras que la señal en los Controles No Objetivo (CNO) muestra una señal significativa (panel izquierdo), lo que indica generación de producto de fondo en ausencia de ADN objetivo.

FIG. 4

Detección con baliza molecular

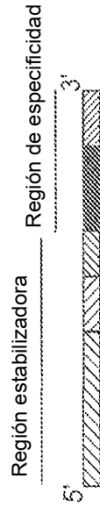


Datos de amplificación de ejemplo usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo y la mejora de los productos de amplificación. Aquí se muestra una comparación de un ensayo NEAR que demuestra la utilidad de la modificación con 2'-O-metilo de los cebadores/moldes para la mejora de la detección del objetivo de baja abundancia. El ensayo que usa los moldes estándar originales (panel izquierdo) y el mismo ensayo usando los moldes modificados con 2'-O-metilo (paneles derecho).

FIG. 5

**Detalles
Estructuras del molde nuevo**

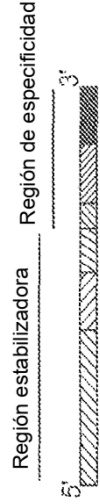
Composición del molde "Terminal" de Cms
Bloque de cinco bases 2'-O-me localizadas en el extremo 3'



- = Secuencia de estabilización
- = Secuencia de reconocimiento de la enzima de corte
- = Secuencia espaciadora de la enzima de corte
- = Bases de ADN estándar
- = Bloque de cinco bases 2'-O-metilo

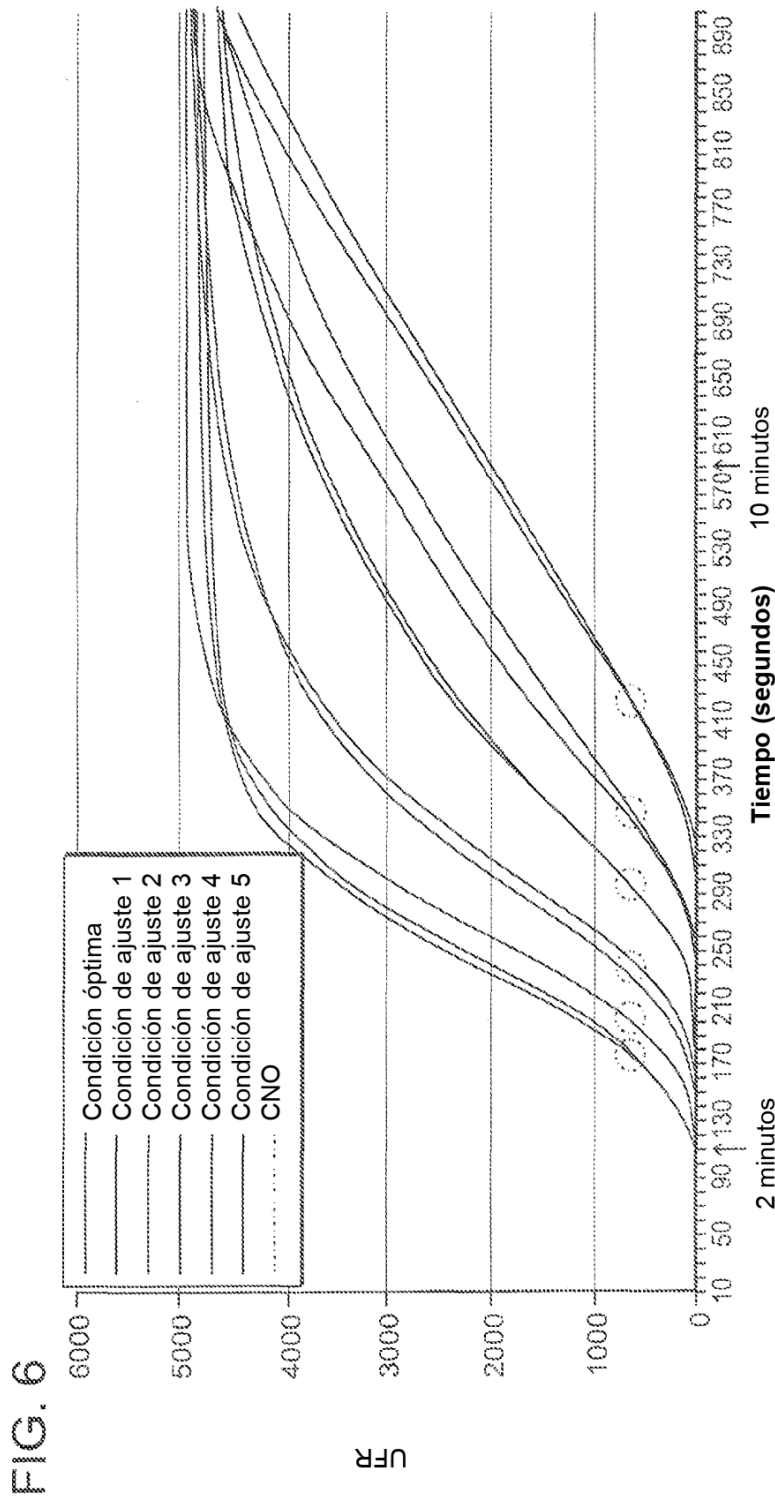
**Detalles
Estructuras del molde nuevo**

Composición del molde "corte + 2" de Cms
Bloque de cinco bases 2'-O-me localizadas corriente abajo del sitio de corte



- = Secuencia de estabilización
- = Secuencia de reconocimiento de la enzima de corte
- = Secuencia espaciadora de la enzima de corte
- = Sitio de corte+2 bases
- = Bloque de cinco bases 2'-O-metilo
- = Bases de ADN estándar

Entidad de detención de polimerasa de ejemplo usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo para el "ajuste" de reacciones. Aquí se muestran representaciones esquemáticas de los cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo de ejemplo para el ajuste de una reacción específica. Cada condición de ajuste está compuesta por proporciones específicas de moldes directos e inversos con cada conjunto de moldes que tienen varias estructuras.



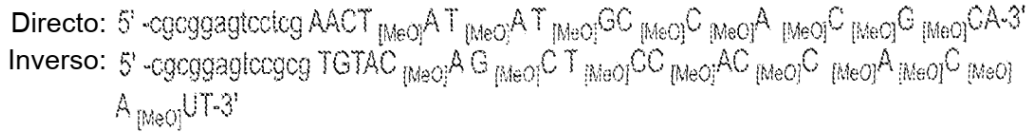
Reacciones duplicada 50 μ , ADN diana genómico 10 K como equivalentes del genoma, Baliza FAM, IQ5

Datos de amplificación de ejemplo usando cebadores/moldes modificados con 2'-O-metilo y el "ajuste" de reacciones.

Aquí se muestran gráficos de amplificación que demuestran la utilidad de la modificación con 2'-O-metilo de moldes/cebadores para el ajuste de una reacción específica. Todas las reacciones (por duplicado) contenían 10.000 equivalentes de genoma de ADN de Cms. Cada condición de ajuste representa relaciones específicas de moldes directos e inversos con cada conjunto de moldes que tienen estructuras variables. Los círculos rojos demuestran un desplazamiento en el tiempo de detección para cada condición de ajuste. Adicionalmente, cabe destacar que la fase log de cada condición se contra y la pendiente de la curva se desplaza

FIG. 7

Conjunto TS3 de molde-cebador directo e inverso:



Conjunto TS6 de molde-cebador directo e inverso:

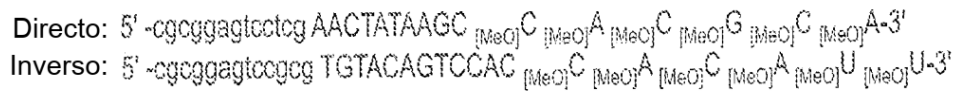


FIG. 8

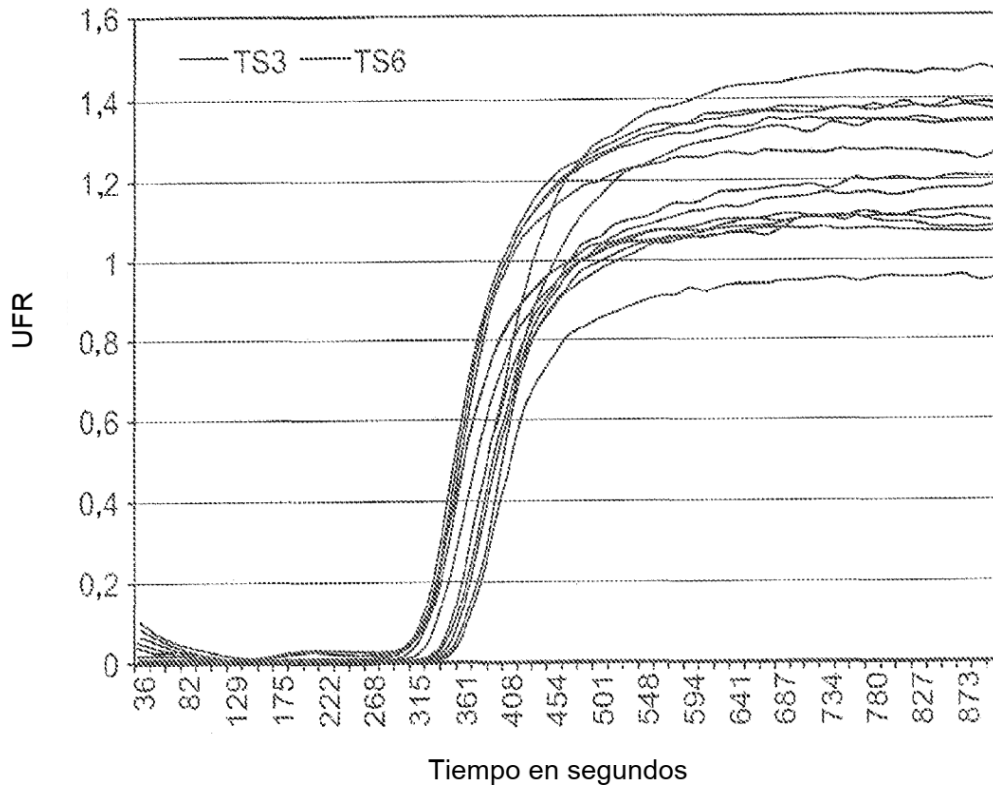


FIG. 9

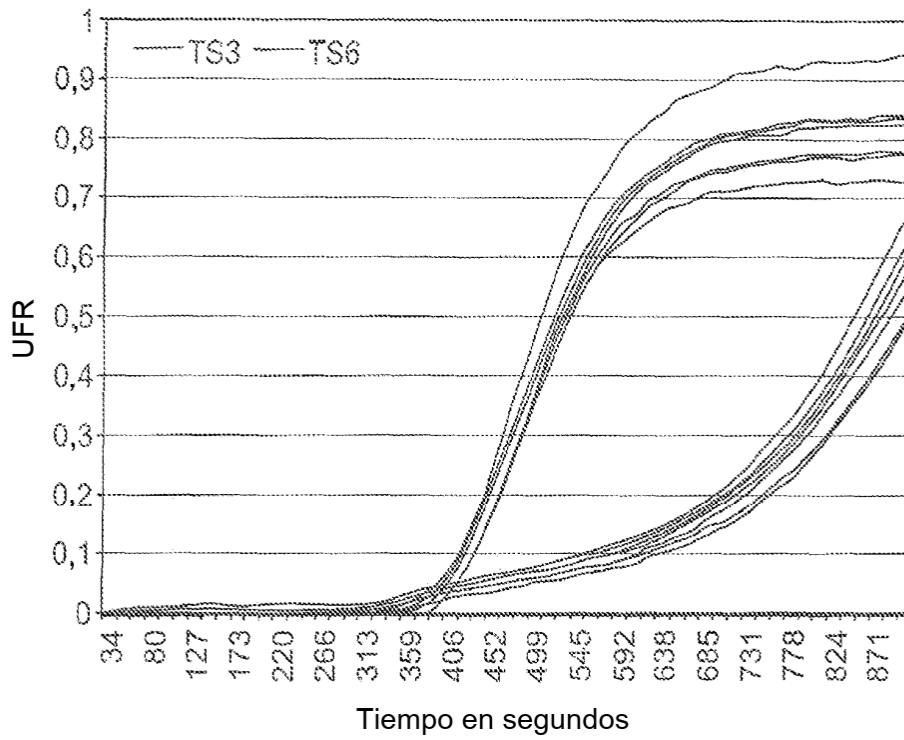


FIG. 10

