



Industria y Comercio

SUPERINTENDENCIA

Delegatura de propiedad Industrial

División de Nuevas Creaciones

PCT
SOLICITUD

PATENTE DE INVENCION

21. EXPEDIENTE No.

05-107300

54. TÍTULO Anticuerpos Recombinantes y fragmentos que reconocen el Gangliosido N-Glicolil GM3 y su uso para diagnóstico y tratamientos de tumores.

51. CLASIFICACIÓN INTERNACIONAL C 70K 16/46, AG/K 39/395

71. SOLICITANTE Centro de Inmunología Molecular.

DOMICILIO Ciudad de la Habana, Cuba

74. APODERADO Lilia María Rodríguez D' Alemán

22. BOGOTÁ, D. C., Octubre 21/05

FORMULARIO ÚNICO DE SOLICITUD DE PATENTE
PCT
ENTRADA EN FASE NACIONAL

1) SOLICITUD DE:			
☒ Patente de invención		☐ Patente de Modelo de Utilidad	
☐ Capitulo I.		☒ Capitulo II.	
2) SOLICITANTE (71)	Nombre: Centro de Inmunología Molecular		IDENTIFICACIÓN C.C. ☐ NIT: ☐ C.E. ☐ OTRO ☐ NÚMERO Cual
	Dirección: Calle 126 Esq. 15, Atabey, Playa., 12100. Ciudad de la Habana, Cuba Nacionalidad o domicilio: Ciudad de la Habana, Cuba Lugar de constitución: Cuba		
	Teléfono: Fax: E. Mail:		
3) REPRESENTANTE O APODERADO	Nombre: DILIA MARÍA RODRÍGUEZ D'ALEMAN		IDENTIFICACIÓN C.C. ☒ NIT: ☐ C.E. ☐ OTRO ☐ NÚMERO: 41.654.882 TP: 20824 CSJ
	Dirección: Carrera 11 N°. 86-53 Piso 6 Bogotá D.C. Teléfono: 6181088 Fax: 6350824 E. Mail: info@clarkemodet.com.co		
4) INVENTOR (ES) (72)	Nombre: VER LISTA ADJUNTA Nacionalidad o Domicilio:		
5) PCT (86) Solicitud Internacional No. PCT/CU2004/000006 Fecha: Abril 22, 2004 Publicación Internacional No. WO2004/094477 A1 Fecha: Nov. 4, 2004			
6) Título (54) ANTICUERPOS RECOMBINANTES Y FRAGMENTOS QUE RECONOCEN EL GANGLIOSIDO N-GLICOLIL GM3 Y SU USO PARA DIAGNOSTICO Y TRATAMIENTO DE TUMORES			
7) Clasificación Internacional: C07K 16/46, A61K 39/395			
8) PRIORIDAD		33) País de Origen	(32) Fecha
SI ☒ NO ☐		Cuba	Abr. 23, 2003
			(31) Número de Solicitud 2003-0092
9) Comprobante de pago N° 05-80.833 Fecha: Octubre 19, 2005			
Instrucciones para el diligenciamiento del presente formulario. Ver reverso de esta pagina			

10)

ANEXOS

- ☒ Comprobante de pago de la tasa de presentación de la solicitud
- ☐ Comprobante de pago por reivindicación de prioridad
- ☐ Documento que acredite la existencia y representación legal cuando el solicitante sea persona Jurídica
- ☐ Poderes, si fuera el caso
- ☐ Documento de cesión del inventor al solicitante o a su causante
- ☐ Declaraciones
- ☒ Copia de la solicitud Internacional. (Resumen, descripción, reivindicación, Dibujos).
- ☒ Traducción de la solicitud internacional al castellano. (Resumen, descripción, reivindicación, Dibujos)
- ☐ Copia del examen preliminar efectuado por la IPEA
- ☐ De ser el caso, copia del contrato de acceso
- ☐ De ser el caso, documento que acredite la licencia o autorización de uso de conocimientos tradicionales de las comunidades indígenas
- ☐ De ser el caso, certificado de depósito del material biológico
- ☐ Arte final 12 x 12 y 6 x 6 cm
- ☐ De ser el caso, información sobre otras solicitudes de patente o títulos obtenidos en el extranjero por el mismo titular o su causante, relacionados parcial o totalmente con la invención de esta solicitud.
- ☐ Otros:

11) FIGURA CARACTERÍSTICA:

12) Solicitud concesión de la patente.

NOMBRE: DILIA RODRÍGUEZ D'ALEMAN

FIRMA: 

C.C. 41.654.882 de Bogotá TP 20824 CSJ

Instrucciones para el diligenciamiento del presente formulario. Ver reverso de esta pagina

INVENTORES

1) ROQUE NAVARRO, Loudes, Tatiana

Calle 13 No. 4211 e/ 42 y 44, Playa, CP 11300, Ciudad Habana, Cuba (CU).

Nacionalidad: Cubana

2) MATEO DE ACOSTA DEL RIO, Cristina, María

Call C No. 9510, e/ 6 y 10, Alta Habana, CP10800 Ciudad de La Habana, Cuba (CU).

Nacionalidad: Cubana

3) RODRIGUEZ GONZALEZ, Mabel

Consejal Veiga No. 110 e/ Estrada Palma y Luis Estévez, Víbora , 10 de Octubre, Ciudad Habana, Cuba
Ciudad de la Habana 10500 (CU).

Nacionalidad: Cubana

4) ROJAS DORANTES, Gestrudis

Santa Irene 164 altos, e/ Flores y San Benigno, Santos Suárez, Víbora, 10 de Octubre, CP 10500,
Ciudad de la Habana, Cuba (CU).

Nacionalidad: Cubana

5) TALVERA PEREZ, Ariel

Calle J No. 58 e/ Calzada y Malecón, Vedado, CP10400, Ciudad Habana, Cuba (CU)

Nacionalidad: Cubana

6) MORENO FRIAS, Ernesto

5ta Avenida, edif. BBE, apto. 16, Reparto Flores, Playa, CP 12100, Ciudad de la Habana, Cuba (CU).

Nacionalidad: Cubana

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT : 800176089-2

RECIBO OFICIAL DE CAJA : 05 - 80,833
FECHA : OCTUBRE 19 DE 2005

SUPERINDUSTRIA Y COMERCIO
Radicacion : 05107300 00000000 Folios: 51
Fecha (AMB): 2005-10-21 15:46:54
Tramite : 011 PCT-PATENT 379 FASE MACI 411 PRESENTAC
Dependencia: 2020 DIVISION DE NUEVAS CREACIONES

***** C O N S I G N A C I O N *****

DEPOSITANTE	TIPO PAGO	BANCO	CUENTA	No. PAGO	FECHA PGD	Vr. PAGO
CLARKE MODET Y CO. COLOMB	CONSIGNACION	BANCO POPULAR	050-00110-6	40241671	19/10/2005	7,709,000.00

***** C O N C E P T O *****

CANT.	RENTISTICO	CONCEPTO	TOTAL CONCEPTO
1	50005-01-01	SOLICITUDES	
1		TRAMITES DE SOL. DE PATENTE DE IN	443,000.00
		TOTAL :	\$ 443,000.00

SON: CUATROCIENTOS CUARENTA Y TRES MIL PESOS

RESPONSABLE : 

RECIBO DE CAJA APLICADO AL EXPEDIENTE No. _____

(12) SOLICITUD INTERNACIONAL PUBLICADA EN VIRTUD DEL TRATADO DE COOPERACIÓN
EN MATERIA DE PATENTES (PCT)

(19) Organización Mundial de la Propiedad
Intelectual
Oficina internacional



(43) Fecha de publicación internacional
4 de Noviembre de 2004 (04.11.2004)

PCT

(10) Número de Publicación Internacional
WO 2004/094477 A1

(51) Clasificación Internacional de Patentes⁷: C07K 16/46,
A61K 39/395

(21) Número de la solicitud internacional:
PCT/CU2004/000006

(22) Fecha de presentación internacional:
22 de Abril de 2004 (22.04.2004)

(25) Idioma de presentación: español

(26) Idioma de publicación: español

(30) Datos relativos a la prioridad:
2003-0092 23 de Abril de 2003 (23.04.2003) CU

(71) Solicitante (para todos los Estados designados salvo
US): CENTRO DE INMUNOLOGIA MOLECULAR
[CU/CU]; Calle 216 esq. 15, Atabey, Playa, Ciudad
Habana, Cuba., Ciudad de la Habana 12100 (CU).

(72) Inventores; e

(75) Inventores/Solicitantes (para US solamente): ROQUE
NAVARRO, Lourdes, Tatiana [CU/CU]; Calle 13 No
4211 e/ 42y 44, Playa, CP 11300 C.Habana, Cuba., Ciudad
de la Habana 11300 (CU). MATEO DE ACOSTA DEL
RIO, Cristina, María [CU/CU]; Calle C # 9510 e/ 6
y 10 Altahabana, C.Habana, Cuba., Ciudad de la Ha-
bana 10800 (CU). RODRÍGUEZ GONZALEZ, Mabel
[CU/CU]; Consejo Veiga No 110 e/ Estrada Palma y
Luis Estévez, Víbora 10 de Octubre., C.Habana, Cuba.,
Ciudad de la Habana 10500 (CU). ROJAS DORANTES,
Gertrudis [CU/CU]; Santa Irene 164 Altos e Flores y
San Benigno, Santos Suárez, Víbora, 10 de Octubre CP
10500, C.Habana, Cuba, C.Habana 10500 (CU). TALAV-
ERA PÉREZ, Ariel [CU/CU]; Calle J # 58 e/ Calzada y

Malecón, Vedado, CP10400 C. Habana, Cuba., C. Habana
10400 (CU). MORENO FRIAS, Ernesto [CU/CU]; 5 ta
Avenida, Edificio BBE, apto 16, Reparto Flores, Playa, C.
Habana, Cuba, C. Habana 12100 (CU).

(74) Mandatario: ACOSTA MARTÍNEZ, Ada; Av. 1ra #
1001 esq. 10, Miramar, Playa, Ciudad de la Habana, Cuba,
Ciudad de la Habana 11300 (CU).

(81) Estados designados (a menos que se indique otra cosa,
para toda clase de protección nacional admisible): AU,
AG, AL, AM, AT, ~~AE~~, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY,
BZ, CA, CH, CN, ~~CO~~, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ,
EC, EE, EG, ES, FI, ~~GB~~, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID,
IL, IN, IS, JP, KE, ~~KG~~, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT,
LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI,
NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG,
SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ,
VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Estados designados (a menos que se indique otra cosa,
para toda clase de protección regional admisible): ARIPO
(BW, GH, GM, KB, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG,
ZM, ZW), euroasiática (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU,
TJ, TM), europea (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE,
ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PL, PT, RO,
SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN,
GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Publicada:

- con informe de búsqueda internacional
- antes de la expiración del plazo para modificar las reivin-
dicaciones y para ser republicada si se reciben modifica-
ciones

[Continúa en la página siguiente]

(54) Title: RECOMBINANT ANTIBODIES AND FRAGMENTS RECOGNISING GANGLIOSIDE N-GLYCOLYL-GM3 AND
USE THEREOF IN THE DIAGNOSIS AND TREATMENT OF TUMOURS

(54) Título: ANTICUERPOS RECOMBINANTES Y FRAGMENTOS QUE RECONOCEN EL GANGLIOSIDO N-GLICOLIL
GM3 Y SU USO PARA DIAGNOSTICO Y TRATAMIENTO DE TUMORES.

(57) Abstract: The invention essentially relates to the production of less immunogenic immunoglobulins by means of genetic engi-
neering and, more specifically, to a monoclonal antibody recognising antigens which contain ganglioside N-glycolyl-GM3 but not
other N-glycolyl- or N-acetyl-type gangliosides nor sulphated glycolipids. In particular, the invention relates to peptide sequences
encoding a recombinant monoclonal antibody against ganglioside N-glycolyl-GM3 or derivative fragments of same. The invention
further relates to pharmaceutical compositions containing the aforementioned antibody or fragments thereof and to the diagnostic or
therapeutic use of same for breast cancer and melanoma.

(57) Resumen: La presente invención se relaciona fundamentalmente con la producción de inmunoglobulinas menos inmunogéni-
cas por la vía de la ingeniería genética, y mas específicamente con un anticuerpo monoclonal que reconoce antígenos que contienen
el gangliósido N-glicolil GM3 y no otros gangliósidos del tipo N-glicolil o N-acetil, ni a los glicolípidos sulfatados. Mas específi-
camente la presente invención se relaciona con las secuencias peptídicas que codifican un anticuerpo monoclonal recombinante contra
el gangliósido n-glicolil GM3, o fragmentos derivados del mismo y composiciones farmacéuticas conteniendo dicho anticuerpo o sus
fragmentos y su uso tanto diagnóstico o terapéutico en cáncer de mama y melanoma.

WO 2004/094477 A1



*Para códigos de dos letras y otras abreviaturas, véase la sección
"Guidance Notes on Codes and Abbreviations" que aparece al
principio de cada número regular de la Gaceta del PCT.*

**ANTICUERPOS RECOMBINANTES Y FRAGMENTOS QUE RECONOCEN EL
GANGLIOSIDO N-GLICOLIL GM3 Y SU USO PARA DIAGNOSTICO Y TRATAMIENTO DE
TUMORES.**

Sector técnico.

- 5 La presente invención se relaciona fundamentalmente con la Inmunología y en particular con la obtención de inmunoglobulinas menos inmunogénicas por la vía de la Ingeniería genética para su uso en el tratamiento del cáncer. Más específicamente la presente invención se relaciona con las secuencias peptídicas que codifican un anticuerpo monoclonal recombinate o fragmentos derivados del mismo que reconocen específicamente antígenos
- 10 que contienen el gangliósido N-glicolil GM3 y no otros gangliósidos del tipo N-glicolil o N-acetil, ni a los glicolípidos sulfatados.

Técnica anterior.

- Los gangliósidos son glicoesfingolípidos que contienen ácido siálico y que están presentes en las membranas plasmáticas de vertebrados (Stults CLM y cols. *Methods Enzymology*
- 15 179:167-214, 1989). Algunas de estas moléculas han sido reportadas en la literatura como antígenos asociados a tumores o marcadores tumorales (Hakamori SH: *Curr Opin Immunol* 3:646-653, 1991), por lo que se ha descrito el uso de anticuerpos anti-gangliósidos como útiles en el diagnóstico y terapéutica del cáncer (Houghton AN y cols. *PNAS USA* 82:1242-1246, 1985; Zhang S y cols. *Int J Cancer* 73:42-49, 1997). Los ácidos siálicos más
- 20 comúnmente encontrados en células de animales son el N-acetil (NAc) y el N-glicolil (NGc) (Corfield AP y col, *Cell Biol Monogr* 10:5-50, 1982). En general el NGc no está expresado en tejidos normales de humanos y pollos, pero está ampliamente distribuido en otros vertebrados (Leeden RW y cols. *Biological Role of Sialic Acid*. Rosenberg A and Shengtrund CL (Eds). Plenum Press, New York, 1-48, 1976, Kawai T y cols. *Cancer*
- 25 *Research* 51:1242-1246, 2001). Sin embargo, reportes de la literatura muestran que anticuerpos anti-NGc reconocen algunos tumores humanos y líneas de células tumorales (Higashi H y cols. *Jpn J. Cancer Res.* 79:952-956, 1988, Fukui Y y cols. *Biochem Biophys Res Commun* 160:1149-1154, 1989). Se ha encontrado además un incremento de los niveles del gangliósido GM3 (NGc) en cáncer de mama humano (Marquina G y cols. *Cancer*
- 30 *Research* 56:5165-5171, 1996), lo que hace francamente atractivo el uso de esta molécula como blanco para la terapia del cáncer.

- La solicitud de patente EP 0972782 A1 describe el anticuerpo monoclonal murino 14F7, producido por el hibridoma depositado según el tratado de Budapest bajo el número de acceso ECACC 98101901. Este anticuerpo monoclonal tiene isotipo IgG1 y fue generado a
- 35 partir de la inmunización de ratones Balb/c con el gangliósido NGcGM3 conjugado hidrofóticamente con lipoproteínas de baja densidad (VLDL) y en presencia de adyuvante de Freund, dicho anticuerpo se une preferentemente al gangliósido NGcGM3, y reconoce un antígeno expresado en tumores humanos de mama y melanoma (Carr A y col, *Hybridoma*

19:3:241-247, 2000). Este anticuerpo mostró una fuerte actividad citotóxica sobre células portadoras de dicha secuencia, propiedad que podría convertirlo en un arma terapéutica.

Por otra parte es conocido que la neovascularización inducida por los tumores constituye uno de los parámetros fundamentales en el control del crecimiento tumoral, lo cual ha dirigido las

5 Investigaciones hacia la búsqueda de nuevas armas terapéuticas relacionadas con la inhibición del proceso angiogénico. Existen evidencias experimentales del efecto del anticuerpo 14F7 sobre este proceso, dichas evidencias se han encontrado en ensayos con matrigel (Angiogenesis. Vol. 4, Pags. 113-121, 2001; Anti-Cancer Res. Vol.18, Pags.783-790, 1998). El matrigel es una mezcla de proteínas constituyentes de la membrana basal y de la
10 matriz extracelular que rodea a las células endoteliales. Su utilidad en el estudio del proceso de neovascularización radica en la importancia fisiológica de las interacciones endotelio-matriz durante el desarrollo de una nueva vasculatura. Igualmente componentes de este gel, como la laminina, se consideran marcadores importantes en este proceso.

En el estudio de los mecanismos relacionados con la angiogénesis inducida por el tumor
15 también ha sido muy utilizado este tipo de modelo, permitiendo evaluar fármacos capaces de modular los eventos relacionados directamente con el tumor para, de esta forma, influir en su crecimiento y metástasis.

El uso de anticuerpos monoclonales no-humanos, tales como el 14F7 murino, tiene ciertas desventajas para tratamiento de humanos, particularmente en un esquema terapéutico
20 repetitivo. Por ejemplo, los anticuerpos monoclonales murinos tienen un tiempo de vida media en sangre relativamente corto, además de que pierden importantes propiedades inmunológicas como son las funciones efectoras cuando son usados en humanos.

Y lo que podría resultar de mayor importancia, los anticuerpos monoclonales murinos contienen considerables secuencias de aminoácidos que resultan inmunogénicas cuando son
25 inyectadas a humanos. Numerosos estudios han mostrado que, después de la administración de un anticuerpo extraño, la respuesta inmune producida en el paciente puede ser considerablemente fuerte y eliminar sustancialmente la utilidad terapéutica del anticuerpo después de un tratamiento inicial. Más aún, después de administrar tratamiento a un paciente con un anticuerpo monoclonal murino, tratamientos ulteriores con anticuerpos
30 murinos no-relacionados podrían no ser efectivos e incluso peligrosos debido a la reactividad cruzada conocida como respuesta HAMA (Khazaeli, M.B., y cols. Journal of Immunotherapy 15: 42-52, 1994).

Mateo y colaboradores. (Patente Americana No. US 5 712 120) describen un procedimiento para la reducción de la inmunogenicidad de los anticuerpos murinos. El anticuerpo
35 modificado por el método descrito por Mateo y colaboradores (Mateo C y cols. Hybridoma 19:6:463-471, 2000), retiene la capacidad de reconocimiento y unión al antígeno del anticuerpo original y resulta menos inmunogénico, lo cual incrementa su utilidad terapéutica. Mediante este procedimiento se logra, con un pequeño número de mutaciones, obtener

anticuerpos modificados que muestran una reducción de la Inmunogenicidad al ser comparados con el anticuerpo quimérico.

De lo antes expuesto se infiere la necesidad de obtención de versiones de los anticuerpos terapéuticos, que sean menos inmunogénicos en humanos, que se obtengan de forma sencilla y económica y que resulten adecuados para la fabricación de formulaciones terapéuticas u otros usos.

También es conocido que el uso de fragmentos de anticuerpos ha sido muy útil en el inmuno-diagnóstico de enfermedades. Ira Pastan entre otros (Solicitud de Patente Europea EP 0796334 A1) describe la construcción de fragmentos de tipo Fv de cadena sencilla usando las regiones variables de anticuerpos que reconocen específicamente el carbohidrato relacionado con el antígeno Lewis Y. Basándose en dichos fragmentos, desarrolla un método para detectar células portadoras de dicho antígeno, también aporta evidencias del efecto inhibidor que estos fragmentos ejercen sobre células portadoras del antígeno.

El conocimiento del sitio de unión del anticuerpo monoclonal 14F7 resulta interesante desde el punto de vista práctico y teórico, por el potencial de dicho anticuerpo en la inmunoterapia de diversas enfermedades. Souriau, C y cols. en Expert Opin. Biol. Ther. 1, 845-855, 2001 y Chester, K. A., y cols. en Dis. Markers. 16, 53-62, 2000, muestran que el uso de fragmentos de anticuerpos del tipo scFv podría resultar de gran utilidad terapéutica aprovechando sus propiedades farmacológicas tales como una mejor penetración en el tejido tumoral.

La construcción de mini-bibliotecas de fragmentos de anticuerpo expuestos sobre fagos filamentosos a partir de hibridomas, permite la selección de moléculas con capacidad de reconocimiento específico del antígeno dentro de este repertorio. El objetivo es la obtención rápida de fragmentos de anticuerpos que combinan el reconocimiento del anticuerpo original con un menor tamaño molecular y la capacidad de ser producidos por un hospedero bacteriano. Esta técnica permite descartar las múltiples variantes de fragmentos de anticuerpo no funcionales o imposibles de producir en bacterias que se obtienen durante el aislamiento y la manipulación de los genes de las regiones variables de un hibridoma por técnicas convencionales de clonación (Roovers, R. C. Y cols. Br. J. Cancer. 78, 1407-1416, 1998).

La tecnología de presentación de fragmentos de anticuerpo en fagos filamentosos ofrece una oportunidad única para acceder al sitio de unión de un anticuerpo, así como para introducir modificaciones en el mismo con el objetivo de mejorar afinidad (Chames, P. y cols. J. Immunol. 161, 5421-5429, 1998, Lamminmaki, U y cols. J. Mol. Biol. 291, 589-602, 1999, Parhami-Seren y cols. J. Immunol. Methods. 259, 43-53, 2002) o modular su especificidad (Iba, Y. y cols. Prot. Engn., 11, 361-370, 1998, Miyazaki, C. y cols. Prot. Engn. 12, 407-415, 1999, Darveau, R. P. y cols. J. Clin. Immunoassay. 15, 25-29, 1992).

- La expresión de fragmentos de anticuerpos en fagos filamentosos permite el intercambio de cadenas (Lantto, J. y cols. *Methods Mol. Biol.* 178, 303-316, 2002), es decir la combinación de diferentes VLs, con la VH original del anticuerpo o viceversa lo cual hace posible estudiar el papel que juega cada una de las cadenas en el reconocimiento del antígeno y su influencia en la afinidad del anticuerpo (Kabat, E. A., Wu, T. T., *J. Immunol.* 147, 1709-1719, 1991, Barbas III, C. F., Lerner, R. A. *Methods: A companion to Methods in Enzymology* 2, 119-124, 1991). El intercambio de cadenas permite modificar las propiedades del sitio de unión y también combinar secuencias de inmunoglobulinas provenientes de diferentes especies, y seleccionar aquellas variantes que conserven la especificidad de reconocimiento. (Klimka, A. Y cols. *Br. J. Cancer.* 83, 252-260, 2000, Steinberger, P. y cols., *J. Biol. Chem.* 275, 36073-36078, 2000, Rader, C. y cols. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 95, 8910-8915, 1998, Beiboer, S. W. H. y cols. *J. Mol. Biol.* 296, 833-849, 2000).
- La presente invención se refiere a un anticuerpo modificado derivado del anticuerpo murino 14F7, el cual reconoce el antígeno original con igual afinidad y resulta menos inmunogénico cuando es administrado a pacientes. Otro hallazgo de la presente invención ha sido la obtención de fragmentos derivados de dicho anticuerpo que comprenden regiones variables de cadena ligera diferentes de la original, pero retienen sus propiedades en lo que concierne a especificidad, afinidad, y reconocimiento, y pueden ser expresados por un hospedero bacteriano tanto en forma de moléculas solubles como presentadas en la superficie de fagos filamentosos. Los fragmentos derivados del anticuerpo 14F7 son útiles como armas terapéuticas. Adicionalmente la expresión de fragmentos del tipo scFv del anticuerpo 14F7 sobre la superficie del un fago filamentosos M13 permite manipular su sitio de unión y obtener variantes de mayor afinidad con fines terapéuticos. Es otro objetivo de la presente invención la caracterización de fragmentos del anticuerpo que solo conservan parcialmente la secuencia del 14F7, pero retiene sus propiedades en lo que concierne a especificidad, afinidad, y reconocimiento.
- Tanto el anticuerpo modificado como los fragmentos obtenidos, reconocen específicamente células tumorales que expresan el antígeno NGcGM3, lo cual permite que pueda ser usado en el diagnóstico o terapia de dichos tumores y tienen como ventaja sobre el anticuerpo murino del cual se originaron, que resultan menos inmunogénicos.
- Son objetos de la presente invención nuevas composiciones farmacéuticas las cuales comprenden el anticuerpo modificado 14F7 o sus fragmentos Fv de cadena sencilla, donde dicho anticuerpo o fragmento puede estar enlazado a un isótopo radiactivo útil en la localización o tratamiento de tumores que expresen el antígeno.
- Es también objeto de la presente invención un método para el radioinmuno diagnóstico o radioinmunoterapia de tumores que expresen el gangliósido NGcGM3, donde sean utilizadas las composiciones farmacéuticas que comprenden el anticuerpo modificado 14F7 ó sus fragmentos unidos a un isótopo radioactivo.

Descripción detallada de la invención.

En la presente invención se describe un anticuerpo quimérico derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el hibridoma con número de depósito ECACC 98101901, caracterizado porque las secuencias de las regiones hipervariables (CDRs) de las cadenas pesada y ligera son:

5 las cadenas pesada y ligera son:

CADENA PESADA

CDR1: SYWIH

CDR2: YIDPATAYTESNQKFKD

CDR3: ESPRLRRGIYYAMDY

10 **CADENA LIGERA**

CDR1: RASQSSNNLH

CDR2: YASQSS

CDR3: QQSNRWPLT

Preferiblemente dicho anticuerpo quimérico está caracterizado porque las secuencias de las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera son:

15 las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera son:

CADENA PESADA

FR1: QVQLQQSGNELAKPGASMKMSCRASGYSFT

FR2: WLKQRPDQGLEWIG

FR3: KAILTADRSSNTAFMYLNSLTSEDSAVYYCAR

20 FR4: WGQGTTVTSS

CADENA LIGERA

FR1: DLVLTQSPATLSVTPGDSVSFSC

FR2: WYQQRTHESPRLLIK

25 FR3: GIPSRFSGSGSGTDFTLSIISVETEDFGMYFC

FR4: FGAGTKLELKRA

Y más preferible aún, el anticuerpo quimérico está caracterizado porque contiene la región constante de cadena pesada IgG1 humana y la región constante de cadena ligera Ck humana.

30 En una representación preferible, la presente invención se refiere a un anticuerpo modificado derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el hibridoma con número de depósito ECACC 98101901, caracterizado porque las regiones de los marcos de las cadenas pesada y ligera contienen cualquiera de las siguientes mutaciones:

CADENA PESADA:

35 Posición 5: Q por V

Posición 9: N por A

Posición 11: L por V

Posición 12: A por R

12

Posición 18: M por V

Posición 19: K por R

Posición 20: M por V

Posición 38: K por R

5 Posición 40: R por A

Posición 42: D por G

Posición 48: I por V

CADENA LIGERA:

Posición 39: R por K

10 Posición 40: T por P

Posición 41: H por G

Posición 42: E por Q

Posición 58: I por V

15 Preferiblemente, dicho anticuerpo modificado está caracterizado porque contiene la región constante de cadena pesada IgG1 humana y la región constante de cadena ligera Ck humana.

20 En otro aspecto de la presente invención se refiere a fragmentos del tipo Fv de cadena sencilla derivados del anticuerpo 14F7 que comprenden la secuencia de la región variable de la cadena pesada obtenida a partir del hibridoma (depósito ECACC 98101901), y conservan la especificidad de reconocimiento del 14F7.

25 Preferiblemente, dichos fragmentos Fv incluyen regiones variables de cadena ligera provenientes de ratones o humanos no inmunizados, diferentes de la región variable de cadena ligera producida por el citado hibridoma, que permiten su producción por un hospedero bacteriano en forma de fragmentos de anticuerpo presentados sobre fagos filamentosos o moléculas solubles.

La presente invención también se relaciona con las líneas celulares que expresan los anticuerpos quimérico y humanizado, y los clones bacterianos que producen los fragmentos derivados del 14F7.

30 Además, la presente invención se relaciona con las composiciones farmacéuticas para el tratamiento y/o localización e identificación de tumores malignos de mama, melanomas, sus metástasis y recidivas, caracterizadas porque contienen uno de los anticuerpos monoclonales recombinantes o sus fragmentos descritos en la presente invención, así como un excipiente apropiado para su aplicación. Dicho anticuerpo o fragmento podría estar unido a un isótopo radioactivo, útil en la localización y/o terapia de los tumores malignos.

35 Por último la presente invención se relaciona con el uso de los anticuerpos recombinantes descritos, para su uso en la fabricación de una composición farmacéutica útil en el tratamiento y/o localización e identificación de tumores malignos

La descripción detallada de como llevar a cabo y utilizar la presente invención se realiza a continuación:

1. Síntesis de ADNc y amplificación por la RCP (Reacción en Cadena de la Polimerasa) de las regiones variables del anticuerpo murino 14F7.

- 5 El anticuerpo murino 14F7 fue obtenido por inmunización de ratones Balb/c con el gangliósido GM3 (NeuGc) conjugado hidrofólicamente con lipoproteínas de baja densidad y en presencia del adjuvante de Freund (EP 0972782 A1, Carr A y cols. Hybridoma 19:3:241-247, 2000). El ARN se obtiene de 10^8 células del hibridoma productor del anticuerpo monoclonal 14F7 (AcM murino, IgG1, que reconoce al gangliósido NGcGM3, utilizando el
- 10 método de extracción del TRIZOL (GIBCO BRL, NY), de acuerdo a las instrucciones del fabricante.

- La síntesis del ADN complementario (ADNc) y la amplificación de las regiones variables VH y VL se realizan utilizando el juego de reactivos Access RT-PCR (Promega, USA) según las recomendaciones del fabricante. Brevemente, la reacción se realiza a partir de 5 µg de ARN
- 15 en presencia de 25 pmoles del oligonucleótido dT diseñado para hibridar en la cola polyA del ARN, y de los oligonucleótidos correspondientes a los extremos de cada región variable, VH y VK. Se incuban 10 min a 60°C y posteriormente se le añade una mezcla que contiene 0.2 mM de cada deoxinucleótido (dNTPs), 1 mM MgSO₄, 5 u de AMV-Transcriptasa Reversa y 5 u de ADN Polimerasa en buffer de reacción, para un volumen total de 50 µL. Se incuban las
- 20 muestras 45 min a 48°C, 2 min a 94°C, y posteriormente son sometidas a 40 ciclos de RCP con temperaturas de 94°C (30 seg), 60°C (1 min), 68°C (2 min), con una incubación final de 7 min a 68°C.

2. Construcción de genes quiméricos y secuenciación del ADNc amplificado.

- Los productos de las RCP de VH y VK son digeridos con las enzimas de restricción *Eco* RV-*Nhe* I, para VH, y *Eco* RV-*Sal* I para VK, y clonadas en los respectivos vectores de
- 25 expresión (Coloma MJ y cols. J Immunol Methods 152:89-104, 1992). La región VH es clonada en el vector PAH4604 que tiene incluida una región constante IgG1 humana y como marcador de selección el gen de resistencia al L-histidinol. La región VK es clonada en el vector PAG4622, el cual porta un gen de resistencia al ácido micofenólico y una región
- 30 constante kappa humana. Las construcciones genéticas resultantes se nombran 14F7VH-PAH4604 y 14F7VK-PAG4622, respectivamente.

Ambas construcciones son secuenciadas por el método de los dideoxinucleótidos (Sanger F y cols. PNAS USA 74:5463-5470, 1979) usando el juego de reactivos de secuencia T7 ADN Polimerasa (Amersham-Pharmacia) de acuerdo al protocolo descrito por los fabricantes.

- 35 **3. Expresión del anticuerpo quimérico.**

Células NS0 son electroporadas con 10 µg de 14F7VH-PAH4604 y 10 µg de 14F7VK-PAG4622 linealizados con la enzima *Pvu* I. Los ADNs se precipitan con etanol, se mezclan y disuelven en 50 µL de SSTF (solución salina tamponada de fosfato). Aproximadamente 10^7

células se crecen hasta semiconfluencia y se colectan por centrifugación, posteriormente se resuspenden en 0.5 mL de SSTF junto con el ADN en una cubeta de electroporación. Después de 10 min en hielo las células son sometidas a un pulso de 200 V y 960 F, y se mantienen en hielo por 10 min. Las células se cultivan en placas de 96 pozos en medio selectivo, Dulbecco Modificado (DMEM-F12) con 10% de suero fetal de ternera (SFT) y 10 mM de L-histidíno. Los clones transfectados se hacen visibles a los 10 días de añadido el medio de selección.

La producción de inmunoglobulina quimérica se determina por ELISA partiendo del sobrenadante de los clones. Para ello se recubren placas de poliestireno (High binding, Costar) con suero de chivo anti-IgG humano (Sigma) en tampón carbonato bicarbonato 100 mM, pH 9.8, toda la noche a 4°C. Las mismas se lavan con SSTF-t (solución salina tamponada de fosfato, 0.5% Tween-20, pH 7.5), y se añaden las muestras de sobrenadante de cultivo diluidas en SSTF-t-SFT durante una hora a 37°C. Las placas se lavan nuevamente con SSTF-t y se incuban con un suero de chivo anti-cadena kappa humana conjugado a peroxidasa (Jackson), una hora a 37°C. Posteriormente se lavan las placas de igual forma y se incuban con una solución tampón citrato-fosfato pH 4.2 que contiene el sustrato o-fenilendiamina. Después de 15 min la absorbancia es medida a 492 nm.

La capacidad de reconocimiento del antígeno por el anticuerpo quimérico es verificada por un ELISA competitivo usando los gangliósidos NGcGM3 y NAcGM3. Brevemente, se recubren placas de poliestireno (Polysorp, Nunc) con 50 µL de una solución a 4 µg/mL de NGcGM3 o NAcGM3 en metanol y se incuban durante una hora a 37°C. Las mismas se bloquean con 200 µL de una solución de seroalbúmina bovina (SAB) 1% en tampón Tris-HCl, pH 7.8-8.0 durante una hora a 37°C. Luego de tres lavados con SSTF, se añaden las muestras diluidas en Tris-HCl-SAB 1% en un rango de concentración entre 2 µg/mL - 0.01 µg/mL en presencia del anticuerpo 14F7 murino biotinilado 1 mg/mL, a 37°C durante 2h. Posteriormente se lava con SSTF y se desarrolla la reacción con un conjugado estreptavidina-peroxidasa (Jackson), a 37°C, 1h, La absorbancia se mide a 492 nm.

4. Construcción del Ac humanizado 14F7hT por humanización de epítopos T. Predicción de epítopos T.

Las secuencias de los dominios variables del 14F7 son analizadas con el Programa AMPHI (Margalit H y cols. J Immunol 138: 2213-2229, 1987), el cual permite la identificación de segmentos de 7 u 11 aminoácidos con una estructura de hélice anfipática, la cual se ha relacionado con la inmunogenicidad T. Estos algoritmos predicen en este caso fragmentos relacionados con la presentación de epítopos T en las regiones variables de las cadenas pesada y ligera del anticuerpo monoclonal murino 14F7.

- Análisis de homología con inmunoglobulinas humanas.

Las secuencias de aminoácidos de los dominios variables del 14F7 son comparadas con las secuencias de regiones variables de inmunoglobulinas humanas reportadas, para identificar

la Inmunoglobulina humana que posea mayor homología con la molécula murina sometida a análisis. Para ello se puede utilizar la base de datos SWISSPROT disponible en Internet, a través del programa BLAST (Altschul S F y cols. Nucleic Acids Res 25:3389-3402, 1997).

- Análisis para la reducción de inmunogenicidad.

- 5 La esencia del método radica en lograr una reducción de la inmunogenicidad por la ruptura o humanización de los posibles epítomos T, con un mínimo de mutaciones en los FRs, específicamente en aquellos segmentos que tienen una estructura de hélice anfipática, quedando excluidas aquellas posiciones involucradas con la estructura tridimensional del sitio de reconocimiento del antígeno.
- 10 Según el método, se comparan las secuencias de las regiones variables de VH y VL de la Inmunoglobulina murina con la humana más homóloga y se identifican los residuos que difieren entre la secuencia murina y la secuencia humana, sólo en los segmentos anfipáticos que quedan dentro de la región de los FRs (Kabat E, Sequences of proteins of Immunological Interest, Fifth Edition, National Institute of Health, 1991). Estos residuos "murinos" serán los
- 15 susceptibles de ser mutados por aquellos que se encuentran en la misma posición en la secuencia humana.

Los residuos que se encuentran en las posiciones de los FRs responsables de las estructuras canónicas, aquellos presentes en la zona de Vernier, o los que participan en la interacción de la interfase VH-VL, no pueden ser mutados, porque pudieran afectar la

20 estructura tridimensional del dominio variable del anticuerpo y por tanto afectar su unión al antígeno. Información adicional sobre la influencia de las sustituciones propuestas sobre la estructura terciaria, pueden ser obtenidas por modelaje molecular de las regiones variables. Dado que en el análisis de las mutaciones pueden tenerse en cuenta elementos tales como la presencia de residuos prolina en la hélice anfipática o el hecho de que un determinado

25 residuo murino no aparezca en la misma posición en la secuencia humana más homóloga pero sea frecuente en otras inmunoglobulinas humanas, es posible obtener una versión que contenga un máximo de mutaciones, es decir, donde se muten todos los residuos murinos que difieren de la secuencia humana, pero pueden obtenerse otras versiones con diferentes combinaciones de mutaciones.

- 30 Después de identificar sobre la secuencia murina del 14F7 los posibles epítomos T y de identificar dentro de estos segmentos los residuos diferentes a los humanos, las sustituciones se hacen por las técnicas convencionales de mutagénesis dirigida.

- Clonaje y expresión del anticuerpo humanizado 14F7hT en células NSO.

- Una vez obtenidas las construcciones genéticas correspondientes a las regiones VH y VL
- 35 del anticuerpo 14F7hT, por el método descrito anteriormente, estas son clonadas en los respectivos vectores de expresión, de manera similar a la descrita anteriormente en el caso de la construcción del Ac quimérico, obteniéndose las construcciones genéticas siguientes: 14F7hTVK-PAG4622 y 14F7hTVH-PAH4604. La transfección de estos genes a las células

NS0 es exactamente bajo las mismas condiciones descritas para el anticuerpo quimérico. Los clones productores del anticuerpo humanizado son detectados igualmente por ELISA.

- 5 La capacidad de reconocimiento específico del antígeno por el anticuerpo humanizado es verificada por un ELISA competitivo usando los gangliósidos NGcGM3 y NAcGM3. El procedimiento es idéntico al descrito para el anticuerpo quimérico.

5. Construcción de bibliotecas de fragmentos de anticuerpo sobre fagos filamentosos a partir del hibridoma 14F7.

- 10 Se aísla el ARN mensajero a partir de las células del hibridoma 14F7, se sintetiza el ADN complementario y se amplifican por separado las secuencias correspondientes a las regiones variables de cadena pesada y ligera, utilizando dos juegos de oligonucleótidos diseñados para hibridar con una amplia gama de regiones variables murinas. Las regiones variables de cadena pesada amplificadas se purifican, se digieren con las enzimas apropiadas y se ligan al vector fagomídeo pHG-1m (diseñado para la presentación de anticuerpos de cadena sencilla sobre la superficie de fagos filamentosos), previamente digerido con las mismas enzimas. Los productos de la reacción de ligamiento se purifican y se introducen por electroporación en bacterias de la cepa TG1 de *E.coli*. Las bacterias transformadas conforman una semi-biblioteca de regiones variables de cadena pesada de diversidad limitada (provenientes todas del hibridoma 14F7). Se purifica el ADN correspondiente a esta semi-biblioteca y se liga por separado a colecciones de regiones variables de cadena ligera (previamente purificadas y digeridas con las enzimas apropiadas). Finalmente se introducen las construcciones genéticas en bacterias de la cepa TG1 por electroporación, para conformar distintos tipos de bibliotecas independientes. Uno de ellos es una mini-biblioteca de diversidad limitada construida con las regiones variables de cadena ligera obtenidas también de las células del hibridoma 14F7. También se obtienen bibliotecas de intercambio de cadenas, donde las regiones variables de cadena pesada provenientes del hibridoma se combinan con colecciones diversas de regiones variables de cadena ligera obtenidas a partir de linfocitos murinos y humanos.

- 25 **6. Aislamiento y caracterización de clones productores de fragmentos de anticuerpo contra el N-glicolil GM3.**

- 30 Se toman al azar colonias de cada biblioteca para producir fagos a partir de ellas utilizando el fago auxiliador M13 K07. Se analiza directamente el reconocimiento del N-glicolil GM3 por los fagos portadores de fragmentos de anticuerpo a través de un ensayo inmunoenzimático en fase sólida (ELISA). Se localizan así clones productores de fragmentos funcionales. Para obtener una preparación rica en fragmentos funcionales de anticuerpo y explorar la diversidad de las bibliotecas, se producen fagos portadores de fragmentos de anticuerpo a partir de la mezcla total de bacterias transformadas que forma cada biblioteca. La mezcla de fagos obtenida se pone en contacto con el antígeno N-glicolil GM3 unido a una superficie

sólida, los fagos portadores de fragmentos de anticuerpo con capacidad de unión se retienen y el resto se elimina mediante lavados exhaustivos. Los fagos unidos se eluyen por un cambio de pH y se multiplican para obtener una nueva mezcla de fagos que sirva de material de partida para un nuevo ciclo de selección sobre el antígeno. Después de varios

5 ciclos de selección, se analiza el reconocimiento de los fragmentos de anticuerpo presentados sobre fagos a partir de colonias. De este modo se identifican clones adicionales productores de fragmentos funcionales, que se encontraban diluidos en las bibliotecas iniciales.

La caracterización de los fragmentos de anticuerpo producidos por los clones incluye el

10 análisis de su especificidad por ELISA frente a un panel de gangliósidos relacionados, el estudio del reconocimiento tumoral por inmunohistoquímica, la evaluación de su capacidad para ser producidos como fragmentos de anticuerpo solubles funcionales, fuera del contexto de su presentación en fagos, y la secuenciación completa de sus regiones variables.

Ejemplos de Realización.

15 En los siguientes ejemplos todas las enzimas de restricción o modificación utilizadas, así como reactivos y materiales fueron obtenidos de fuentes comerciales a menos que se especifique lo contrario.

Ejemplo 1. Obtención del Anticuerpo Monoclonal Químérico 14F7.

La síntesis del ADNc y la amplificación por la RCP de las regiones variables murinas VH y

20 VK se realizó con la enzima *Vent* Polimerasa utilizando oligonucleótidos específicos con sitios de restricción *Eco* RV-*Nhe* I para VH, y *Eco* RV-*Sal* I para VK. Los oligonucleótidos usados como cebadores fueron los siguientes:

Para VH:

Oligonucleótido 1 (hibrida en el péptido señal):

25 5' ggg gatatc cacc atg gaa agg cac tgg atc ttt ctc ttc ctg 3'

Oligonucleótido 2 (hibrida en JH1):

5' ggg gctagc tga gga gac ggt gac cgt ggt 3'

Para VK:

Oligonucleótido 1 (hibrida en el péptido señal):

30 5' ggg gatatc cacc atg gt(at) t(tc)c (ta)ca cct cag (at)t(ac) ctt gga ctt 3'

Oligonucleótido 2 (hibrida en VLJ5):

5' agc gtcgac tta cgt ttc agc tcc agc ttg gtc cc 3'

Los productos de las RCPs de VH y VK fueron digeridos con las enzimas de restricción *Eco* RV-*Nhe* I, para VH, y *Eco* RV-*Sal* I para VK, y clonados en sus respectivos vectores de

35 expresión, PAH4604 y PAG4622, para VH y VK respectivamente. Estos vectores son usados para la expresión de inmunoglobulinas en células superiores y fueron donados por Sherie Morrison (UCLA, California, USA). El vector PAH4604 tiene incluida la región constante humana IgG1, y el PAG4622, una región constante kappa humana. (Coloma J y

cols. J Immunol Methods 152:89-104, 1992). Una vez clonadas las regiones VH y VK del 14F7 en los vectores anteriores, se formaron las construcciones 14F7VH-PAH4604 y 14F7VK-PAG4622.

- Doce clones independientes fueron secuenciados por el método de los dideoxinucleótidos (Sanger F et al, DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. PNAS USA 1979;74:5463-5470) usando el kit de secuencia T7 ADN Polimerasa (Amersham-Pharmacia) de acuerdo al protocolo descrito por los fabricantes. Las secuencias de VH y VK tienen alta relación con el subgrupo IIB y V, respectivamente, (Figuras 1 A y B) según la clasificación de Kabat (Kabat E, Sequences of proteins of immunological interest, Fifth Edition, National Institute of Health, 1991).

- Células NS0 fueron electroporadas con 10 µg de 14F7VH-PAH4604 y 10 µg de 14F7VK-PAG4622 linealizados con la enzima *Pvu* I. Los ADNs fueron precipitados con etanol, mezclados y disueltos en 50 µL de SSTF. Aproximadamente 10⁷ células crecidas hasta semiconfluencia, fueron colectadas por centrifugación y resuspendidas en 0.5 mL de SSTF junto con el ADN en una cubeta de electroporación. Después de 10 min en hielo las células fueron sometidas a un pulso de 200 V y 960 F e incubadas en hielo por 10 min. Las células se cultivaron en placas de 96 pozos en medio selectivo, Dulbecco Modificado (DMEM-F12) con 10% de SFT y 10 mM de L-histidinol. Los clones transfectados se hacen visibles a los 10 días de añadido el medio de selección.

- La producción de Inmunoglobulina quimérica se determina por ELISA partiendo del sobrenadante de los clones. Para ello se recubren placas de poliestireno (High binding, Costar) con suero de chivo anti-IgG humano (Sigma) en tampón carbonato bicarbonato 100 mM, pH 9.8, toda la noche a 4°C. Las mismas se lavan con SSTF-t (solución salina tamponada de fosfato, 0.5% Tween-20, pH 7.5), y se añaden las muestras de sobrenadante de cultivo diluidas en SSTF-t-SFT durante una hora a 37°C. Las placas se lavan nuevamente con SSTF-t y se incuban con un suero de chivo anti-cadena kappa humana conjugado a peroxidasa (Jackson), una hora a 37°C. Posteriormente se lavan las placas de igual forma y se incuban con una solución tampón citrato-fosfato pH 4.2 que contiene el sustrato o-fenilendiamina. Después de 15 min la absorbancia es medida a 492 nm.

- Ejemplo 2. Reactividad del anticuerpo 14F7Q frente a los gangliósidos NGcGM3 y NAcGM3.**

- Se determinó la reactividad del anticuerpo (Ac) quimérico del 14F7 por medio de un ELISA competitivo. En la Figura 2 se muestra la especificidad del 14F7 quimérico comparado con el 14F7 murino, en el reconocimiento de placas de poliestireno (Polysorp, Nunc) recubiertas con el gangliósido GM3 N-glicosilado. Ambos Acs muestran a concentraciones similares un 50% de inhibición del reconocimiento del Ac 14F7 murino biotinilado al antígeno. Mientras que no se observó inmunoreactividad al recubrir las placas con la variante N-acetilada del GM3 para ninguno de los anticuerpos. Se usó como Ac irrelevante el AcM murino lor-C5.

Ejemplo 3. Obtención de diferentes versiones del anticuerpo humanizado.

Las secuencias de VH y VK del 14F7 fueron comparadas con una base de datos de secuencias humanas, obteniéndose la secuencia humana de mayor homología con el anticuerpo 14F7, para la región VH y VK (Fig 1A y B). En ambas secuencias se determinaron además las regiones anfipáticas o potenciales epitopos T. Posteriormente se determinaron las mutaciones necesarias para convertir las secuencias de VH y VK murinas en humanizadas, siguiendo este método de humanización de epitopos T. Señalamos a continuación el máximo de mutaciones posibles que pueden realizarse.

- 10 En el caso de la región VH se introdujeron mutaciones en las posiciones 5, 9, 11, 12, 18, 19, 20, 38, 40, 42 y 48, donde se sustituyeron los aminoácidos Q, N, L, A, M, K, M, K, R, D y I, por V, A, V, V, V, R, V, R, A, G y V, respectivamente. Estas mutaciones se realizaron por sobrelapamientos de los productos de la RCP (Kamman M y cols. Nucleic Acids Research 17:5404-5410, 1989), usando los oligonucleótidos 1 y 2, y los 3 y 4, en las primeras RCPs, y el resultado de las mismas se sobrelapó en otra RCP usando solo los oligonucleótidos 2 y 4.
- 15 Las secuencias de los oligonucleótidos usados se muestran a continuación:

Oligonucleótidos para las mutaciones 5, 9, 11 y 12, de la cadena pesada:

Oligonucleótido 1: 5' gtc cag ctt gtg cag tct ggg gct gaa gtg gta aaa cct ggg 3'

Oligonucleótido 2: 5' ggg gctagc tga gga gac ggt gac cgt ggt 3'

- 20 Oligonucleótido 3: 5' ccc agg ttt tac cac ttc agc ccc aga ctg cac aag ctg gac 3'

Oligonucleótido 4: 5' ggg gatatc cacc atg gaa agg cac tgg atc ttt ctc ttc ctg 3'

Una vez secuenciadas y verificadas las anteriores mutaciones, a los ADNs que portaban las mismas se les introdujo en las posiciones 18, 19 y 20 otras mutaciones, sustituyendo los aminoácidos M, K, M por V, R, V, respectivamente.

- 25 A continuación se muestran los oligonucleótidos 1 y 2, y los 3 y 4, descritos para dichas mutaciones. El sobrelapamiento de los productos de las RCPs se hizo de la misma manera descrita anteriormente.

Oligonucleótidos para las mutaciones 18, 19 y 20 de la cadena pesada:

Oligonucleótido 1: 5' ggg gcc tca gtg agg gtg tcc tgc agg 3'

- 30 Oligonucleótido 2: 5' ggg gctagc tga gga gac ggt gac cgt ggt 3'

Oligonucleótido 3: 5' cct gca gga cac cct cac tga ggc ccc 3'

Oligonucleótido 4: 5' ggg gatatc cacc atg gaa agg cac tgg atc ttt ctc ttc ctg 3'

De igual manera, una vez secuenciadas y verificadas las anteriores mutaciones, a los ADNs que portaban las mismas se les introdujo en las posiciones 38, 40 y 42 las mutaciones R, A y G, que sustituyen los aminoácidos K, R y D, respectivamente.

- 35 A continuación se muestran los oligonucleótidos 1 y 2, y los 3 y 4, descritos para estas mutaciones. El sobrelapamiento de los productos de las RCP se hizo de la misma manera descrita anteriormente.

Oligonucleótidos para las mutaciones 38, 40 y 42 de la cadena pesada:

Oligonucleótido 1: 5' cac tgg tta aga cag gca cct ggc cag ggt ctg 3'

Oligonucleótido 2: 5' ggg gctagc tga gga gac ggt gac cgt ggt 3'

Oligonucleótido 3: 5' cag acc ctg gcc agg tgc ctg tct taa cca gtg 3'

5 Oligonucleótido 4: 5' ggg gatatc cacc atg gaa agg cac tgg atc ttt ctg ttc ctg 3'

Por último, luego de verificar por secuencia las mutaciones anteriores, a los ADNs que portaban las mismas se les introdujo una mutación en la posición 48, sustituyendo el aminoácido I por V. A continuación se muestran los oligonucleótidos 1 y 2, y los 3 y 4, utilizados en esta mutación. El solapamiento de los productos de las RCPs se hizo de la

10 misma manera descrita anteriormente.

Oligonucleótidos para la mutación 48 de la cadena pesada:

Oligonucleótido 1: 5' ctg gaa tgg gtt gga tac att 3'

Oligonucleótido 2: 5' ggg gctagc tga gga gac ggt gac cgt ggt 3'

Oligonucleótido 3: 5' aat gta tcc aac cca ttc cag 3'

15 Oligonucleótido 4: 5' ggg gatatc cacc atg gaa agg cac tgg atc ttt ctg ttc ctg 3'

Todas estas mutaciones fueron verificadas por secuencia. La construcción genética obtenida se denominó 14F7hTVH.

En el caso de la cadena pesada hay aminoácidos diferentes entre la cadena VH14F7 y la humana más parecida que no se realizaron porque estas sustituciones involucrarían aminoácidos de la zona de Vernier o son posiciones claves en el reconocimiento del antígeno.

20 Para la cadena ligera, se realizaron mutaciones en las posiciones 39, 40, 41, 42 y 58, sustituyendo R, T, H, E, I, por K, P, G, Q, y V respectivamente. Las mutaciones fueron introducidas de la misma manera que en la cadena pesada; a continuación se describen las secuencias de los oligonucleótidos utilizados.

Oligonucleótidos para las mutaciones 39, 40, 41, y 42 de la cadena ligera.

Oligonucleótido 1: 5' tat caa caa aaa cca ggt cag tct cca agg 3'

Oligonucleótido 2: 5' agc gtcgac tta cgt ttc agc tcc agc ttg gtc cc 3'

Oligonucleótido 3: 5' cct tgg aga ctg acc tgg ttt ttg ttg ata 3'

30 Oligonucleótido 4: 5' ggg gatatc cacc atg gt(at) t(tc)c (ta)ca cct cag (at)t(ac) ctt gga ctt 3'

Luego de verificar por secuencia las mutaciones anteriores, se procedió a introducir una mutación en la posición 58 a los ADNs que portaban las mismas, sustituyendo el aminoácido I por V. A continuación se muestran los oligonucleótidos 1 y 2, y los 3 y 4, que se utilizaron para dicha mutación. El solapamiento de los productos de las RCPs se

35 realizó de la misma manera descrita anteriormente.

Oligonucleótidos para la mutación 58 de la cadena ligera:

Oligonucleótido 1: 5' att tct ggg gtc ccc tcc agg 3'

Oligonucleótido 2: 5' agc gtcgac tta cgt ttc agc tcc agc ttg gtc cc 3'

Oligonucleótido 3: 5' cct gga ggg gac ccc aga aat 3'

Oligonucleótido 4: 5' ggg gatatc cacc atg gt(at) t(tc)c (ta)ca cct cag (at)t(ac) ctt gga ctt 3'

Una vez realizada esta mutación, la misma fue verificada por secuencia.

La construcción genética resultante se denominó 14F7hTVK.

- 5 Las regiones VK y VH humanizadas fueron clonadas en los vectores PAG4622 y PAH4604, formando las construcciones 14F7hTVH-PAH4604 y 14F7hTVK-PAG4622, respectivamente. Células NS0 fueron electroporadas con 10 µg de cada uno de los vectores que portaban las regiones variables humanizadas, 14F7hTVH-PAH4604 y 14F7hTVK-PAG4622, previamente linealizados por digestión con *Pvu* I. El proceso de electroporación y detección de los clones
- 10 que expresaban el anticuerpo humanizado 14F7hT fue idéntico al descrito para el anticuerpo quimérico.

Ejemplo 4: Efecto del Ac 14F7 sobre la disminución del crecimiento tumoral en un modelo de inducción de angiogénesis tumoral *in vivo*.

- 15 Como modelo de angiogénesis *in vivo* se usó la línea tumoral (melanoma B16) mezclada con matrigel como inductor de la angiogénesis.

Con la implantación subcutánea de la línea tumoral (B16) con matrigel en la línea media ventral de ratones machos C57/BL6, se midió la inducción del proceso de angiogénesis tumoral. Brevemente: Se mezclan células de melanoma B16 con 0.5 mL de matrigel y 64 unidades/mL de heparina, solos, en el grupo control, o en combinación con los anticuerpos,

20 para ser administrados por inyección subcutánea en la región abdominal de los animales. A los 15 días de la inoculación, los animales se sacrifican y se les extraen las perlas de geles junto con residuos de dermis y epidermis y se examina macroscópicamente el tamaño del tumor. Como se observa en la Figura 3, los tumores de los ratones tratados con el 14F7, disminuyen drásticamente el tamaño de la masa tumoral.

- 25 Para distinguir los neovasos se realiza un análisis histopatológico de los geles con tinción hematoxilina/eosina, y con inmunotinción con un AcM anti PECAM (marcador endotelial). En la Figura 4, A y B, se observa una disminución del número de vasos sanguíneos en los cortes de tejidos de los animales tratados con el 14F7, al compararlos con los cortes obtenidos de tumores de animales sin tratamiento.

- 30 **Ejemplo 5: Construcción de bibliotecas de fragmentos de anticuerpo sobre fagos filamentosos a partir del hibridoma 14F7.**

Se aisló el ARN mensajero con el reactivo TriPure Isolation Reagent (Boehringer Mannheim, Alemania) a partir de 5.0×10^6 células del hibridoma 14F7 y se sintetizó el ADN complementario con el juego de reactivos Pro-STAR First Strand RT-PCR kit (Stratagene,

35 EEUU). Las regiones variables de cadena pesada y ligera provenientes del hibridoma se amplificaron mediante 26 ciclos de la reacción en cadena de la polimerasa, en las siguientes condiciones: 50 segundos a 94° C, 1 minuto a 55° C, 1 minuto a 72° C. Para ello se utilizaron todas las posibles combinaciones de un juego de oligonucleótidos degenerados

(diseñados para hibridar con una amplia variedad de regiones variables de ratón), que se muestran en la tabla siguiente:

Oligonucleótidos usados para amplificar VH y VL. Las posiciones degeneradas aparecen entre paréntesis en la secuencia de los oligonucleótidos. Las secuencias de los sitios de restricción aparecen subrayadas.

5' VH Apa I

5'... ttc tat tct cac agt gca cag (gc)ag gt(gt) cag ct(gt) ac(ag) cag tc(at) gga 3'

5'... ttc tat tct cac agt gca cag gc(ag) gt(ct) ca(ag) ctg cag cag ct(ct) ggg gc 3'

5'... ttc tat tct cac agt gca cag ga(ag) gtg aag ct(gt) (gc)t(gc) gag tct gg(ag) gga 3'

3' VH Sfi I

5'... ga acc agt act cca ggc ctg agg ggc cgc aga gac agt gac cag agt ccc 3'

5'... ga acc agt act cca ggc ctg agg ggc cga gga gac ggt gac tga ggt tcc 3'

5'... ga acc agt act cca ggc ctg agg ggc cga gga gac (gt)gt ga(gc) (ca) gt gga (gc)cc...3'

5' VL Sal I

5'...gta ctc cag tcg acg aca ttg tg(ca) tg(at) t(ac)c agt ctc c... 3'

5'... gta ctc cag tcg acg ata tcc aga tga c(ac)c a(ga)a ct(ac) c... 3'

5'... gta ctc cag tcg ac(cg) aaa ttg t(tg)c tca ccc agt ctc c... 3'

3' VL Not I

5'...aag gaa aaa agc ggc cgc ttt (tc)a(tg) (tc)tc cag ctt ggt... 3'

5'...aag gaa aaa agc ggc cgc ttt (tg)a(tg) ctc caa ctt gt(gt)... 3'

Las regiones variables de cadena pesada amplificadas se purificaron y se digirieron secuencialmente con las enzimas de restricción Sfi I y ApaLI. Se purificaron los productos de la digestión y se ligaron con el ADN del vector fagomidio pHG-1m (Heber Biotec S.A., Cuba) (Figura 5). Con las construcciones genéticas resultantes se transformaron por electroporación bacterias de la cepa TG1 de *E.coli*. El conjunto de bacterias transformadas conformó una semi-biblioteca de regiones variables de cadena pesada provenientes del hibridoma 14F7, con una talla moderada de 2.3×10^4 miembros. Se purificó el ADN plasmídico de la semi-biblioteca y se digirió secuencialmente con las enzimas Not I y Sal I. Se ligó este ADN por separado con cuatro colecciones de regiones variables de cadena ligera, previamente digeridas con las mismas enzimas. Se transformaron bacterias de la cepa TG1 con estas nuevas construcciones genéticas y se obtuvieron cuatro bibliotecas independientes. Una de ellas era una mini-biblioteca de diversidad limitada que contenía las regiones variables, tanto de cadena pesada como ligera, provenientes del hibridoma 14F7, con un tamaño de 1.6×10^5 individuos. Las otras tres eran bibliotecas de intercambio de cadenas que incorporaban colecciones diversas de regiones variables de cadena ligera obtenidas previamente a partir de ratones (isotipo kappa) y humanos (isotipos kappa y lambda) y sus tallas fueron 1.0×10^7 , 1.4×10^6 , y 1.2×10^6 miembros respectivamente.

Ejemplo 6. Aislamiento de clones productores de fragmentos de anticuerpo contra el N-glicolil GM3.

Se produjeron fagos portadores de fragmentos de anticuerpo a partir de 92 clones tomados al azar de cada biblioteca, en pocillos de placas de microtitulación, según procedimientos ya descritos (Marks, J. D. y cols. J. Mol. Biol. 222,581-597. 1991). Se evaluó su especificidad en un ELISA sobre placas de cloruro de polivinilo (Costar, EEUU) recubiertas con N-glicolil GM3 y N-acetil GM3 a 1µg/ml. Se detectaron los fagos unidos con un anticuerpo monoclonal anti-M13 conjugado a peroxidasa de rábano picante (Amersham, Suecia). Además de la caracterización individual de clones tomados al azar se procedió a la selección de fagos con capacidad de unión al N-glicolil GM3 a partir de la mezcla de fagos producida por el conjunto de bacterias que conformaban cada biblioteca. Para ello, se produjeron fagos utilizando el fago auxiliador M13 K07, se purificaron por precipitación con polietilenglicol según el procedimiento citado y se pusieron en contacto con el N-glicolil GM3 unido a una superficie plástica (Inmunotubos, Nunc, Dinamarca). Se lavaron extensivamente los tubos y se eluyeron los fagos en presencia de trietilamina 100 mmol/l. El eluato se neutralizó y se utilizó para infectar bacterias de la cepa TG1 de *E.coli*. A partir del conjunto las bacterias infectadas se produjeron y se purificaron nuevamente fagos portadores de fragmentos de anticuerpo, que se utilizaron como material de partida para una nueva ronda de selección en condiciones idénticas a las descritas. Después de cuatro ciclos de selección se tomaron al azar 92 colonias de bacterias infectadas con los fagos resultantes de cada biblioteca y se analizó el reconocimiento del N-glicolil GM3 de forma similar a la descrita para la evaluación de los clones tomados al azar de las bibliotecas.

A partir del análisis directo de los clones de las bibliotecas se aislaron clones productores de fagos portadores de fragmentos de anticuerpo que reconocían al N-glicolil GM3, que se encontraban en una frecuencia variable en las tres bibliotecas de intercambio de cadenas. No se encontró ningún clon positivo en la mini-biblioteca formada exclusivamente por las regiones variables provenientes del hibridoma 14f7. Después de los ciclos de selección se aislaron clones adicionales a partir de las bibliotecas de intercambio de cadenas, y no se encontró ninguno en la mini-biblioteca de secuencias originales. La siguiente tabla muestra las cantidades de clones productores de fragmentos de anticuerpo que reconocen al N-glicolil GM3 y la frecuencia que representan del total de clones analizados, a partir de cada biblioteca. Solo un clon produjo fagos que presentaban reactividad cruzada con el N-acetil GM3.

18		
Biblioteca	Frecuencia de clones positivos (tamizaje directo)	Frecuencia de clones positivos (cuatro ciclos de selección)
Mini-biblioteca hibridoma 14F7	0/92	0/92
Intercambio de cadenas ligeras kappa murinas	31/92 (33.70%) *	52/92 (56.52%)
Intercambio de cadenas ligeras kappa humanas	2/92 (2.17%)	8/92 (17.39%)
Intercambio de cadenas ligeras lambda humanas	4/92 (4.35%)	12/92 (13.04%)

1 clon con reactividad cruzada con el N-acetil GM3.

Ejemplo 7. Caracterización de los fragmentos de anticuerpo derivados del 14F7 que reconocen al N-glicolil GM3

- 5 Se secuenciaron totalmente las regiones variables de 11 fragmentos de anticuerpo con un secuenciador automático ALF Express II (Pharmacia, Suecia), utilizando oligonucleótidos que hibridan en las regiones del vector pHG-1m que flanquean los extremos 5' y 3' de las secuencias que codifican para los fragmentos de anticuerpo insertados. Se confirmó que la
- 10 el 14F7, solo se presentan cambios en las regiones marco 1 y marco 4, presumiblemente introducidos por el uso de oligonucleótidos degenerados en la RCP. El resto de las secuencias, incluidos los tres CDRs no tenían variaciones. Por el contrario, las secuencias de las regiones variables de cadena ligera de los 11 clones fueron todas diferentes a la del 14F7 y se agruparon en 5 grupos de secuencias diferentes entre sí, dos de origen murino,
- 15 uno de origen humano (isotipo kappa) y otros dos de origen humano, pero de isotipo lambda. Se tomó un clon representativo de cada grupo de secuencias para su caracterización posterior.

La tabla siguiente muestra las diferencias entre las regiones variables de cadena ligera de los clones seleccionados, en cuanto a su identidad con la original, su origen e isotipo y la

20 clasificación es subgrupos según la clasificación de Kabat.

25

	Origen de VL	Isotipo	Identidad con VL 14F7	Subgrupo
AcM 14F7	Murino	kappa	-	V
ScFv 2Am	Murino	kappa	59.46%	III
ScFv 3Fm	Murino	kappa	59.81%	V
ScFv 7Bhk	Humano	kappa	60.74%	I
ScFv 7Ahl	Humano	lambda	35.45%	I
ScFv 8Bhl	Humano	lambda	37.04%	III

Las diferencias entre las regiones variables de cadena ligera de los clones y la reportada originalmente para el anticuerpo 14F7 se localizan a lo largo de toda la secuencia, incluyendo las tres regiones determinantes de la complementareidad, y se muestran a continuación (Figura 6).

Fr1
14F7 Mab D L V L T Q S P A T L S V T P G D S V S F S C
2Am scFv . I . M F . . . S . A . S L . Q R A T I . .
3Fm scFv . I Q M . . T . S S . . A S L . . R . T I . .
7Bhk scFv . I Q M . . T . S S . . A S V . . R . T I T .
7Ahl scFv Q S V V . . P . S A . G G . . Q . L T I . .
8B hl scFv S S E L . . D . . V . . A L . Q T . R I T .

CDR1
R A S Q S I S N N L H
. . . . S V S S . S Y S Y M .
. . . . D . . . Y . N
. . . . S F . N
T G T S S D V G G Y . H V S
Q G D S L R . Y Y A S

10 Fr2
W Y Q Q R T H E S P R L L I K
. . . . K P G Q P . K
. . . . K P D G T V K . . . V
. . . . K P G K A . K . . . Y
. . . . H P G K A . K . M . Y
. . . . K P G Q A . V . V . Y

CDR2
Y A S Q S I S
. . . N L E .
. T . R L H .
A . . N L Q .
D V . K R P .
G K N N R P .

26

Fr 3

```
G I P S R F S G S G S G T D F T L S I I A V E T E D F G M Y F C
. V . A . . . . . . . . . . . . . . . . N . H P . . E . . A A T . Y .
. V . . . . . . . . . . . . . . . . Y S . T . S N L . Q . . I A T . . .
. V . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . T . S S L Q P . . . A A . Y .
. V . H . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . T V S G L Q A . . E A V . Y .
. . . D . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . T . T G A Q A . . E A D . Y .
```

CDR 3

```
Q Q S N R W P      L T F
. H . R D V .      . . .
. . G . T L .      P . .
. . G Y T T .      . . .
S S Y A G S N N . V .
N S R D S S G N H V V .
```

5

Fr 4

```
G A G T K L E L K
. . . . . . . I .
. . . . . . . . .
. Q . . . . . . .
. G . . . V T V L
. G . . . . T V L
```

- 10 La especificidad de la unión se confirmó por ELISA, según el procedimiento descrito, pero utilizando como recubrimiento, además del N-glicolil GM3 y el N-acetil GM3, un panel de gangliósidos relacionados que incluía varios gangliósidos N-acetilados y uno N-glicolilado. La Figura 7 muestra el reconocimiento de los distintos antígenos por los cinco clones productores de fragmentos de anticuerpo caracterizados. Solo se detectó la unión al
- 15 antígeno blanco N-glicolil GM3. El resto de los antígenos no fueron reconocidos. La producción de fragmentos de anticuerpo solubles (fuera del contexto de los fagos) por los clones se indujo en presencia de isopropil-tiogalactopiranosido a 1mmol/l. Se colectaron los sobrenadantes y se obtuvieron las fracciones periplasmáticas según procedimientos ya establecidos (de Haard, H. J.Biol. Chem. 274, 18218-18230, 1999.) Se detectó actividad de
- 20 reconocimiento del N-glicolil GM3 tanto en los sobrenadantes de cultivo como en las fracciones periplasmáticas, a través de un ELISA sobre placas recubiertas con dicho antígeno similar al descrito, pero con el siguiente cambio. Los fragmentos de anticuerpo unidos se detectaron utilizando el anticuerpo monoclonal 9E10 (dirigido contra el péptido c-myc que está fusionado en la construcción genética a los fragmentos de anticuerpo), a 10
- 25 µg/ml y un conjugado anti-inmunoglobulinas de ratón (Sigma, EEUU). Se purificaron los fragmentos de anticuerpo a partir de las fracciones periplasmáticas en un paso único de cromatografía de afinidad a iones metálicos utilizando la matriz HIS-Select HC Nickel Affinity Gel (Sigma, EEUU) según las instrucciones del fabricante. La figura 8 muestra la actividad determinada por ELISA de los fragmentos solubles purificados.

Breve Descripción de las Figuras.

Figura 1: En la figura se muestra la secuencia aminoacídica de las regiones variables VH (a) y VK (b) del AcM 14F7, y la secuencia humana respectiva más homóloga. Los CDRs se encuentran subrayados, y las regiones anfipáticas, potenciales epitopos T, aparecen sombreados. Se muestra además la secuencia resultante de la humanización de las regiones variables con las mutaciones realizadas.

Figura 2: Reconocimiento del anticuerpo 14F7Q medido por un ELISA competitivo.

Eje X: Expresa la concentración de los anticuerpos.

10 Eje Y: Absorbancia medida a 492 nm

El anticuerpo monoclonal C5 se usó como control negativo.

Figura 3: Efecto del anticuerpo monoclonal 14F7 sobre el crecimiento de tumores murinos (línea tumoral melanoma B16).

15 **Figura 4:** A) Estudio Inmunohistoquímico de del efecto del Anticuerpo Monoclonal 14F7 sobre la formación de vasos sanguíneos. Las flechas indican los vasos inmunomarcados. B) Inhibición de la Angiogénesis inducida por el Anticuerpo Monoclonal 14F7.

Figura 5: Diagrama del vector pHG-1m.

20 **Figura 6:** Secuencia de proteínas de las regiones VL del anticuerpo monoclonal 14F7 y de los fragmentos Fv de cadena sencilla seleccionados. Los puntos significan homología con la secuencia de las VL del 14F7.

Figura 7: Especificidad del reconocimiento por los fagos portadores de fragmentos del anticuerpo. Se observa la inhibición de la unión del Ac 14F7 al gangliósido por los fragmentos expuestos en los fagos. Las placas se recubrieron con N-glicolil GM3 y los fagos fueron incubados con partículas virales y varias concentraciones de 14F7.

25 Eje X: Concentración del Ac 14F7

Eje Y: Absorbancia medida a 240 nm.

Figura 8. Reconocimiento del N-glicolil Gm3 por los fragmentos solubles purificados.

30

35

28

REIVINDICACIONES

- 1.- Un anticuerpo recombinante derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el hibridoma con número de depósito ECACC 98101901, caracterizado porque las secuencias de las regiones hipervariables (CDRs) de las cadenas pesada y ligera son las que se muestran a continuación:

CADENA PESADA

CDR1: SYWIH

10 CDR2: YIDPATAYTESNQKFKD

CDR3: ESPRLRRGIYYAMDY

CADENA LIGERA

CDR1: RASQSISSNNLH

CDR2: YASQSISS

15 CDR3: QQSNRWPLT

- 2.- El anticuerpo según la reivindicación 1, caracterizado porque es una variante quimérica del anticuerpo 14F7 el cual contiene los CDRs y las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera de dicho anticuerpo 14F7 y la región constante de cadena pesada IgG1 humana y la región constante de cadena ligera Ck humana, siendo las secuencias de las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera las siguientes:

CADENA PESADA

FR1: QVQLQQSGNELAKPGASMKMSCRASGYSFT

FR2: WLKQRPDQGLEWIG

FR3: KAILTADRSSNTAFMYLNSLTSEDSAVYYCAR

25 FR4: WGQGT TVTVSS

CADENA LIGERA

FR1: DLVLTQSPATLSVTPGDSVSFSC

FR2: WYQQRTHESPRLLIK

FR3: GIPSRFSGSGSGTDFTLSIISVETEDFGMYFC

30 FR4: FGAGTKLELKRA

- 3.- Un anticuerpo según las reivindicaciones 1 y 2 caracterizado porque es una variante humanizada del anticuerpo monoclonal 14F7 el cual contiene mutaciones puntuales las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera para reducir su inmunogenicidad.

- 35 4.- Un anticuerpo según la reivindicación 3 caracterizado porque es una variante humanizada del anticuerpo monoclonal 14F7 cuyas regiones de los marcos de las cadenas pesada y ligera contienen cualesquiera de las siguientes mutaciones:

CADENA PESADA:

Posición 5: Q por V

Posición 9: N por A

Posición 11: L por V

Posición 12: A por R

5 Posición 18: M por V

Posición 19: K por R

Posición 20: M por V

Posición 40: R por A

Posición 42: D por G

10 CADENA LIGERA:

Posición 39: R por K

Posición 40: T por P

Posición 41: H por G

Posición 42: E por Q

15 5. Fragmento Fv de cadena sencilla derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el híbridoma con número de depósito ECACC 98101901, caracterizado porque contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera de un anticuerpo murino.

20 6. Fragmento Fv de cadena sencilla según la reivindicación 6, caracterizado porque la región variable de la cadena ligera es del propio anticuerpo 14F7.

7. Fragmento Fv de cadena sencilla según las reivindicaciones 6 y 7 caracterizado porque las secuencias de las regiones hipervariables (CDRs) de las cadenas pesada y ligera son las que se muestran a continuación:

CADENA PESADA

25 CDR1: SYWIIH

CDR2: YIDPATAYTESNQKFKD

CDR3: ESPRLRRGIYYAMDY

CADENA LIGERA

CDR1: RASQSISSNNLH

30 CDR2: YASQSISS

CDR3: QQSNRWPLT

8.- Fragmento Fv de cadena sencilla según la reivindicación 8 caracterizado porque contiene los CDRs y las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera de dicho anticuerpo 14F7, siendo las secuencias de las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera las siguientes:

35 CADENA PESADA

FR1: QVQLQQSGNELAKPGASMKMSCRASGYSFT

FR2: WLKQRPDQGLEWIG

FR3:

KAILTADRSSNTAFMYLNSLTSEDSAVYYCAR

FR4: WGQGTTVTVSS

CADENA LIGERA

5 FR1: DLVLTQSPATLSVTPGDSVSFSC

FR2: WYQQRTHESPRLLIK

FR3: GIPSRFSGSGSGTDFTLSIISVETEDFGMYFC

FR4: FGAGTKLELKRA

9.- Fragmento Fv de cadena sencilla de acuerdo con la reivindicación 9 el cual contiene mutaciones puntuales las regiones de los marcos (FRs) de las cadenas pesada y ligera para reducir su inmunogenicidad.

10.- Fragmento Fv de cadena sencilla de acuerdo con la reivindicación 10 cuyas regiones de los marcos de las cadenas pesada y ligera contienen cualesquiera de las siguientes mutaciones:

15 CADENA PESADA:

Posición 5: Q por V

Posición 9: N por A

Posición 11: L por V

Posición 12: A por R

20 Posición 18: M por V

Posición 19: K por R

Posición 20: M por V

Posición 40: R por A

Posición 42: D por G

25 CADENA LIGERA:

Posición 39: R por K

Posición 40: T por P

Posición 41: H por G

Posición 42: E por Q

30 11.- Fragmento Fv de cadena sencilla derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el híbrdoma con número de depósito ECACC 98101901 según la reivindicación 6, caracterizado porque contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera cuya secuencia es la siguiente:

35 Fr1

D I V M F Q S P A S L A V S L G Q R A T I S C

CDR1

R A S Q S V S S S S Y S Y M H

Fr2

W Y Q Q K P G Q P P K L L I K

CDR2

Y A S N L E S

5

Fr3

G V P A R F S G S G S G T D F T L N I H P V E E E D A A T Y Y C

CDR3

Q H S R D V P L T F

10 Fr4

G A G T K L E I K

12.- Fragmento Fv de cadena sencilla derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el hibridoma con número de depósito ECACC 98101901 según la reivindicación 6, caracterizado porque contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera cuya secuencia es la siguiente:

Fr1

D I Q M T Q T P S S L S A S L G D R V T I S C

CDR1

R A S Q D I S N Y L N

20

Fr2

W Y Q Q K P D G T V K L L I V

CDR2

Y T S R L H S

25 Fr3

G V P S R F S G S G S G T D Y S L T I S N L E Q E D I A T Y F C

CDR3

Q Q G N T L P P T F

30 Fr4

G A G T K L E L K

13.- Fragmento Fv de cadena sencilla derivado del anticuerpo monoclonal murino 14F7 producido por el hibridoma con número de depósito ECACC 98101901, caracterizado porque contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera de un anticuerpo humano.

14.- Fragmento Fv de cadena sencilla según la reivindicación 14, caracterizado porque contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera cuya secuencia es la siguiente:

Fr1

D I Q M T Q T P S S L S A S V G D R V T I T C

5

CDR1

R A S Q S I S S F L N

Fr2

W Y Q Q K P G K A P K L L I Y

10

CDR2

A A S N L Q S

Fr3

G V P S R F S G R G S G T D F T L T I S S L Q P E D F A A Y Y C

CDR3

Q Q G Y T T P L T F

15

Fr4

G Q G T K L E L K

15.- Fragmento Fv de cadena sencilla según la reivindicación 14, caracterizado porque contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera cuya secuencia es la siguiente:

20

Fr1

Q S V V T Q P P S A S G G P G Q S L T I S C

CDR1

T G T S S D V G G Y N H V S

25

Fr2

W Y Q Q H P G K A P K L M I Y

CDR2

D V S K R P S

30

Fr3

G V P H R F S G S K S G N T A S L T V S G L Q A E D E A V Y Y C

CDR3

S S Y A G S N N L V F

Fr 4**G G G T K V T V L**

- 16.- Fragmento Fv de cadena sencilla según la reivindicación 14, caracterizado porque
 5 contiene la secuencia de la región variable de cadena pesada del anticuerpo monoclonal murino 14F7 y una región variable de cadena ligera cuya secuencia es la siguiente:

Fr1**S S E L T Q D P A V S V A L G Q T V R I T C****CDR1**

10 **Q G D S L R S Y Y A S**

Fr 2**W Y Q Q K P G Q A P V L V I Y****CDR2****G K N N R P S**

15 **Fr 3**

G I P D R F S G S S S G N T A S L T I T G A Q A E D E A D Y Y C**CDR3****N S R D S S G N H V V F**

20 **Fr 4**

G G G T K L T V L

- 17.- Una línea celular caracterizada porque expresa el anticuerpo recombinante o el fragmento Fv de cadena sencilla de cualquiera de las reivindicaciones de la 1 a la 17.
- 18.- Composición farmacéutica para el tratamiento de tumores malignos caracterizada
 25 porque comprende el anticuerpo recombinante o el fragmento Fv de cadena sencilla de cualquiera de las reivindicaciones de la 1 a la 17, y un excipiente apropiado.
- 19.- Composición farmacéutica según la reivindicación 19 caracterizada porque es útil para el tratamiento de tumores malignos de mama, melanomas, sus metástasis y recidivas.
- 20.- Reactivo para la localización e identificación "in vivo" de tumores malignos caracterizada
 30 porque comprende el anticuerpo recombinante o el fragmento Fv de cadena sencilla de cualquiera de las reivindicaciones de la 1 a la 17 y un marcador apropiado.
- 21.- Un reactivo según la reivindicación 21 caracterizado porque es utilizado para la localización e identificación "in vivo" de tumores malignos de mama, melanomas, sus metástasis y recidivas.

34
34

FIGURA 1:

A)

	10	20	30	40	50	60
VH 14f7	QVQLQSGNELAKPGASMKMS	CRASGYSFTSYNIHWL	KRPDQGLEWIGYIDPATAYTES	NOKE		
VH humana	.T.V...A.VR....VRV..K....T.IDSY...IR.A.GH....V.W.N.NSGG.NYAPR.					
VH 14f7ht	Q...A.VV....VRV.....R.A.G....V.....					

	70	80	90	100	110
VH 14f7	KDKAILTADRSSNTAFMYLNSLTSEDSAVYYCARESP---	RLRRGIYYIAMDYWGQGITVTVSS			
VH humana	QGRVTM.R.A.FS..Y.D.R..R.D....F...KSD.FMSDYINF.D.S.TL.V.....				
VH 14f7ht					

B)

	10	20	30	40	50	60
VK 14f7	DLVLTQSPATLSVTPGDSVSFSCRASQGISNHLHWYQ	STHSPRLLIKVAQSISGIPSRFSG				
VK humana	.IQM.Z..SS..ASV.BR.TIT....ZT..SY.B..ZZKPKKA.B...YA..BLH..V.....					
VK 14f7ht	RTHR.....V.....					

	70	80	90	100
VK 14f7	BGSQEDFTLSIISVETEDFGMYFCQSNRMPLTFGAGTLELKRA			
VK humana	B..FT.S.LZPEB.AT.Y.ZZ.Y.S.T...Z..R.ZI...			
VK 14f7ht				

FIGURA 2:

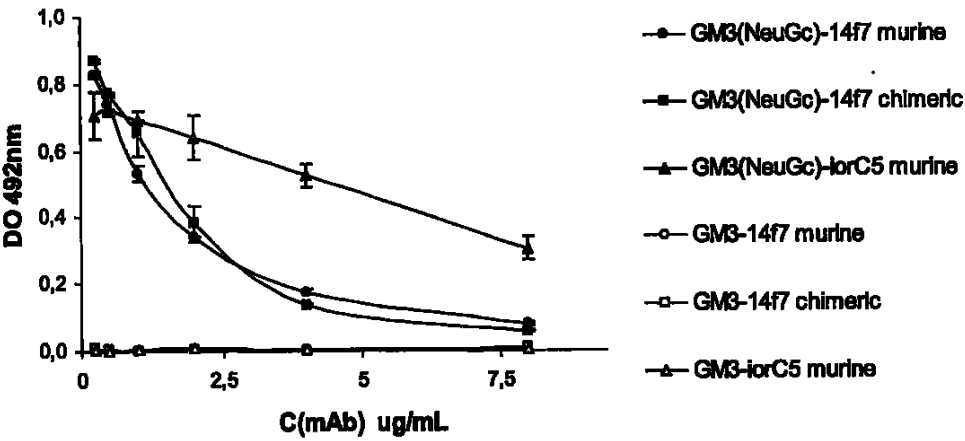
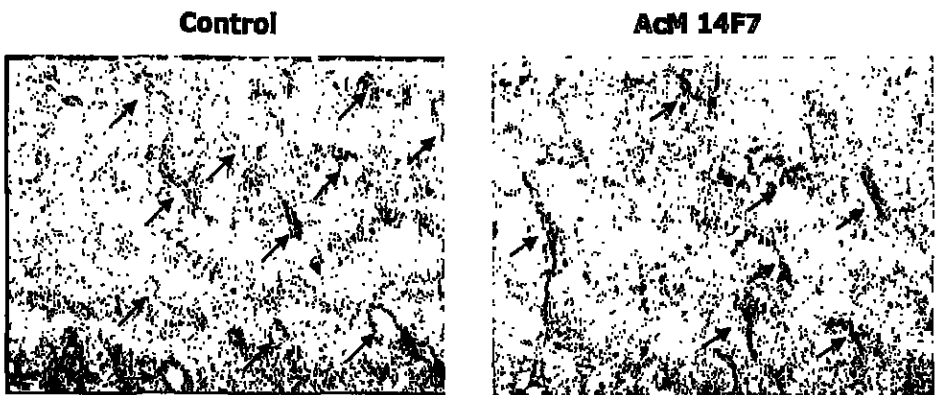


FIGURA 4:
A)



B)

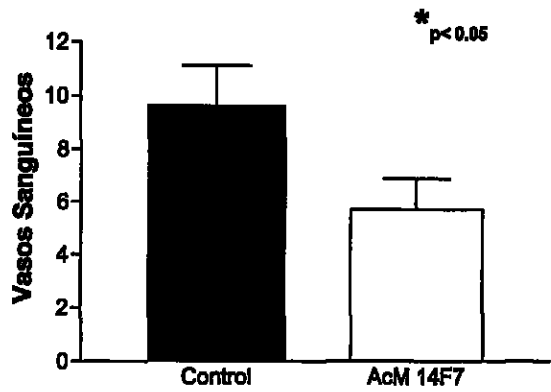
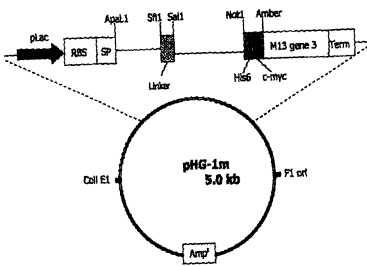
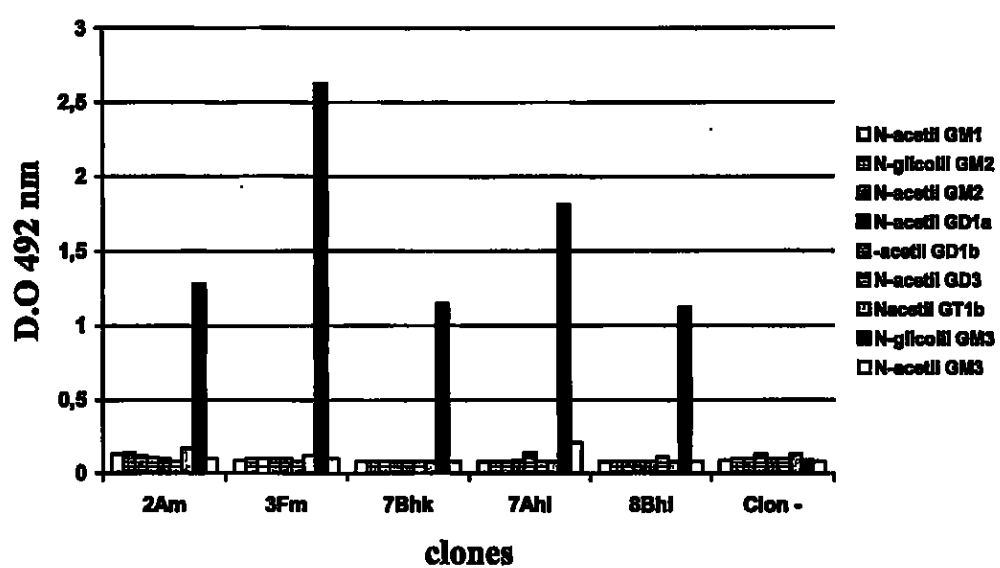


FIGURE 8:

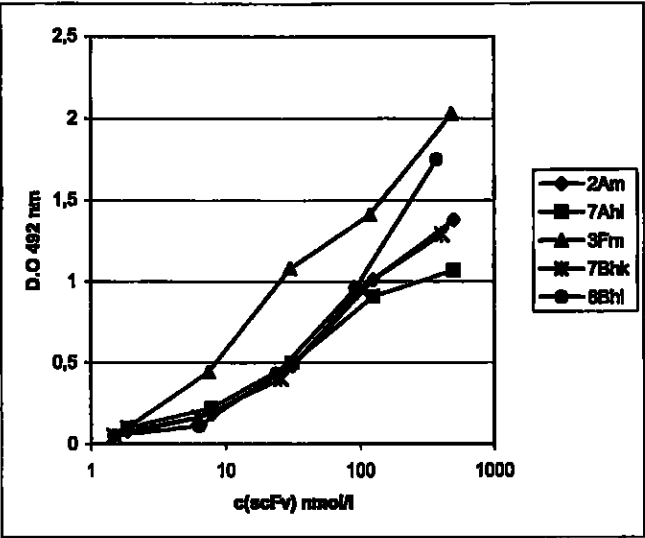


	fr1	CDR1	
14F7 Mab	D L V L T Q S P A T L S V T P G D S V S F S C	R A S Q	S I S N N L H
22Am scFv	I . M F . . . S S . A . S L . Q R A T I . .	 S V S S .	. S Y S Y M . N
3Fm scFv	I Q M . . T . S S . . A S L . . R . T I . .		. . . S F . N
7Bhk scFv	I Q M . . T . S S . . A S V . . R . T I . .	T G T S S D V	. G G Y . H V S S
7Ahl scFv	Q S V V . . P . S . A . G G . . Q . L T I . .	Q G D S	. L R . Y Y A S
8Bhl scFv	S S E L . . D . . V . . A L . Q T . R I T .		
	fr2	CDR2	fr3
W Y Q Q R T H E S P R L L I K	Y A S Q S I S	G I P S R F S G S G S G T D F	
. . . K P P G Q P . K . . . V	. . T . R L L H .	. V . A Y	
. . . K P P D G T V K . . . V	A . . N L L Q .	. V R . . . Y	
. . . K P P G K A . K . . Y	D V . K R P .	. V . H N T A	
. . . H P P G K A . K . V	G K N N R P .	. . D S . . N T A	
. . . K P P G Q A . V . V			
	fr3	CDR3	fr4
T L S I I A V E T E D F G M Y F C	Q Q S N R W P	L T F	G A G T K L E L K
. N . H P . . A A T . . Y .	. H . R D V .		 I .
. S . T . S N L . Q Y .	. . G . T T L .	. P	
. S . T . S S G L Q A . . . Y .	. . G Y A G S S N N	. . V	 V T V L
. S . T . T G A Q A Y .	. S S R D S S G N H V V .		 T V L

FIGURA 7:

41

FIGURA 8.



42

sequence listing.txt
SEQUENCE LISTING

<110> CENTRO DE INMUNOLOGIA MOLECULAR
CENTRO DE INMUNOLOGIA MOLECULAR

<120> Recombinant antibodies and fragments which recognize N glycolyl GM3 ganglioside and its use in diagnosis and treatment of tumors.

<130> CU 92/2003

<140> CU 92/2003

<141> 2003-04-23

<160> 58

<170> PatentIn version 3.2

<210> 1

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (1)..(5)

<400> 1

Ser Tyr Trp Ile His
1 5

<210> 2

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (1)..(17)

<400> 2

Tyr Ile Asp Pro Ala Thr Ala Tyr Thr Glu Ser Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15

Asp

<210> 3

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (1)..(16)

sequence listing.txt

<400> 3

Glu Ser Pro Arg Leu Arg Arg Gly Ile Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15<210> 4
<211> 11
<212> PRT
<213> Mus musculus<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(11)

<400> 4

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Asn Asn Leu His
1 5 10<210> 5
<211> 7
<212> PRT
<213> Mus musculus<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(7)

<400> 5

Tyr Ala Ser Gln Ser Ile Ser
1 5<210> 6
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus musculus<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(9)

<400> 6

Gln Gln Ser Asn Arg Trp Pro Leu Thr
1 5<210> 7
<211> 30
<212> PRT
<213> Mus musculus<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(30)

43

44

sequence listing.txt

<400> 7

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Asn Glu Leu Ala Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Met Lys Met Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr
 20 25 30

<210> 8

<211> 14

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (1)..(14)

<400> 8

Trp Leu Lys Gln Arg Pro Asp Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly
 1 5 10

<210> 9

<211> 32

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (1)..(32)

<400> 9

Lys Ala Ile Leu Thr Ala Asp Arg Ser Ser Asn Thr Ala Phe Met Tyr
 1 5 10 15

Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
 20 25 30

<210> 10

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (1)..(11)

<400> 10

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 1 5 10

45

sequence listing.txt

<210> 11
<211> 23
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(23)

<400> 11

Asp Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Asp Ser Val Ser Phe Ser Cys
20

<210> 12
<211> 15
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(15)

<400> 12

Trp Tyr Gln Gln Arg Thr His Glu Ser Pro Arg Leu Leu Ile Lys
1 5 10 15

<210> 13
<211> 32
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> DOMAIN
<222> (1)..(32)

<400> 13

Gly Ile Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
1 5 10 15

Leu Ser Ile Ile Ser Val Glu Thr Glu Asp Phe Gly Met Tyr Phe Cys
20 25 30

<210> 14
<211> 12
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>

sequence listing.txt

<221> DOMAIN
<222> (1)..(12)

<400> 14

Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys Arg Ala
1 5 10

<210> 15
<211> 43
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(43)

<400> 15
ggggatatcc accatggaaa ggcactggat cttttctctc ctg 43

<210> 16
<211> 30
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(30)

<400> 16
ggggctagct gaggagacgg tgaccgtggt 30

<210> 17
<211> 48
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(48)

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(43)

<400> 17
ggggatatcc accatgggat ttcctacacc tcagattacc ttggactt 48

<210> 18
<211> 35
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript

47

sequence listing.txt

<222> (1)..(35)

<400> 18

agcgtcgact tacgtttcag ctccagcttg gtccc

35

<210> 19

<211> 42

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(42)

<400> 19

gtccagcttg tgcagtctgg ggctgaagtg gtaaaacctg gg

42

<210> 20

<211> 30

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(30)

<400> 20

ggggctagct gaggagacgg tgaccgtggt

30

<210> 21

<211> 42

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(42)

<400> 21

cccaggtttt accacttcag cccagactg cacaagctgg ac

42

<210> 22

<211> 43

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(43)

<400> 22

ggggatatcc accatggaaa ggcactggat ctttctcttc ctg

43

<210> 23

48

sequence listing.txt

<211> 27
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(27)

<400> 23
ggggcctcag tgagggtgtc ctgcagg

27

<210> 24
<211> 30
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(30)

<400> 24
ggggctagct gaggagacgg tgaccgtggt

30

<210> 25
<211> 27
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(27)

<400> 25
cctgcaggac accctcactg aggcccc

27

<210> 26
<211> 43
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(43)

<400> 26
ggggatatcc accatggaaa ggcactggat ctttctcttc ctg

43

<210> 27
<211> 33
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript

sequence listing.txt

<222> (1)..(33)

<400> 27

cactgggttaa gacaggcacc tggccagggt ctg

33

<210> 28

<211> 30

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(30)

<400> 28

ggggctagct gaggagacgg tgaccgtggt

30

<210> 29

<211> 33

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(33)

<400> 29

cagaccctgg ccagggtgcct gtcttaacca gtg

33

<210> 30

<211> 43

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(43)

<400> 30

ggggatatcc accatggaaa ggcactggat ctttctcttc ctg

43

<210> 31

<211> 21

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(21)

<400> 31

ctggaatggg ttggatacat t

21

<210> 32

50

sequence listing.txt

<211> 30
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(30)

<400> 32
ggggctagct gaggagacgg tgaccgtggt 30

<210> 33
<211> 21
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(21)

<400> 33
aatgtatcca acccattcca g 21

<210> 34
<211> 43
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(43)

<400> 34
ggggatatcc accatggaaa ggcactggat ctttctcttc ctg 43

<210> 35
<211> 30
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript
<222> (1)..(30)

<400> 35
tatcaacaaa aaccaggtca gtctccaagg 30

<210> 36
<211> 35
<212> DNA
<213> Mus musculus

<220>
<221> prim_transcript

51

sequence listing.txt

<222> (1)..(35)

<400> 36

agcgtcgact tacgtttcag ctccagcttg gtccc

35

<210> 37

<211> 30

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(30)

<400> 37

ccttgagac tgacctggtt ttgttgata

30

<210> 38

<211> 48

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> 1prim_transcript

<222> (1)..(48)

<400> 38

ggggatatcc accatggtat ttctacacc tcagattacc ttggactt

48

<210> 39

<211> 21

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(21)

<400> 39

atttctgggg tcccctccag g

21

<210> 40

<211> 35

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> prim_transcript

<222> (1)..(35)

<400> 40

agcgtcgact tacgtttcag ctccagcttg gtccc

35

<210> 41

52

REQUISITOS NECESARIOS PARA PRESENTACION Y AGILIZACION DEL TRAMITE

	USUARIO	RADICADOR
PATENTE DE INVENCION <i>RT</i>	()	()
MODELO DE UTILIDAD	()	()
- Indicación de que se solicita la concesión de una patente.	()	()
- Datos de identificación del solicitante o de la persona que se presenta la solicitud.	()	()
- Descripción de la invención.	()	()
- Dibujos de ser estos pertinentes.	()	()
- Comprobante de Pago de las tasas establecidas.	()	()
COMPLETA <i>(X)</i>	INCOMPLETA ()	()
DISEÑO INDUSTRIAL ()		
- Indicación de que se solicita el registro de Diseño Industrial	()	()
- Datos de identificación del solicitante o de la persona que presenta la solicitud.	()	()
- Representación gráfica o fotográfica del Diseño Industrial o muestra del Material que incorpora el diseño.	()	()
- Comprobante de pago de las tasas establecidas	()	()
COMPLETA ()	INCOMPLETA ()	()
ESQUEMA DE TRAZADO ()		
- Indicación de que solicita el registro de un Esquema de trazado.	()	()
- Datos de identificación del solicitante o de la persona que presenta La solicitud.	()	()
- Representación gráfica del esquema de trazado	()	()
- Comprobante de pago de las tasas establecidas.	()	()
COMPLETA ()	INCOMPLETA ()	()

Firma Responsable:

Fecha: