



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



⑪ Número de publicación: **2 337 751**

⑫ Número de solicitud: 200802185

⑬ Int. Cl.:
C12Q 1/68 (2006.01)

⑭

SOLICITUD DE PATENTE

A1

⑮ Fecha de presentación: **22.07.2008**

⑯ Fecha de publicación de la solicitud: **28.04.2010**

⑰ Fecha de publicación del folleto de la solicitud:
28.04.2010

⑱ Solicitante/s: **Universidad de Málaga**
c/ Severo Ochoa, 4 (PTA)
29590 Campanillas, Málaga, ES

⑲ Inventor/es: **Ariza Corbo, María José;**
Rioja Villodres, José;
Valdivielso Felices, Pedro;
Sánchez Chaparro, Miguel Ángel y
González Santos, Pedro

⑳ Agente: **No consta**

㉑ Título: **Conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*.**

㉒ Resumen:

Conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*.

La presente invención se refiere a un conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* mediante la amplificación mediante PCR de una muestra de ADN usando el conjunto de cebadores reivindicado, y la detección mediante fluorescencia usando el conjunto de sondas reivindicado. Las principales ventajas de la presente invención son: gran rapidez que permite el genotipado a gran escala ya que la reacción de PCR y la detección de la señal fluorescente son simultáneas, asignación de genotipos automatizada y obtenible de forma inmediata al finalizar la reacción, gran sensibilidad que permite genotipar muestras empleando concentraciones muy bajas de ADN, y menor riesgo de contaminación al tratarse de un ensayo homogéneo.

ES 2 337 751 A1

DESCRIPCIÓN

Conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*.

Sector de la técnica

La presente invención se refiere a un conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*.

Estado de la técnica

Los polimorfismos genéticos de un solo nucleótido (en inglés “single nucleotide polymorphisms” o “SNPs”) son la forma más frecuente de variación que se puede encontrar en el genoma humano. El estudio de la variabilidad genética tiene repercusión biosanitaria puesto que el papel que se atribuye a los SNPs es, junto con distintos factores ambientales, de moduladores de la susceptibilidad individual a padecer la mayoría de las enfermedades comunes (hipertensión, diabetes, obesidad, arteriosclerosis...). De este modo, el desarrollo de las técnicas de genotipado es un tema en auge actualmente y es el campo en el que se encuadra la invención.

La implicación del gen *LIPC* (lipasa hepática) en el desarrollo de arteriosclerosis así como la del polimorfismo común -250G/A localizado en la región promotora (en desequilibrio de ligamiento con -514C/T, -710T/C y -763A/G) está ampliamente descrita en la literatura (Jansen H, 2004. *Current Atherosclerosis Reports*: 5). Dada la gran variedad de procesos en los que el enzima lipasa hepática está involucrada es posible encontrar estudios que la consideran tanto pro-aterogénica como lo contrario. Así, se ha descrito que la presencia de los alelos menos frecuentes de los polimorfismos citados se asocian con el desarrollo de cardiopatía isquémica a pesar de estar demostrado que estas variantes se asocian a una reducción de la actividad del enzima que se traduce en un ligero aumento de las concentraciones del colesterol de HDL. Por otra parte Eller y colaboradores (Eller P, Schgoer W, Mueller T, Tancevski I, Ulmer H, Foeger B, Haltmayer M, Ritsch A, Patsch JR, 2005. *Journal of Internal Medicine*: 258) han demostrado en 400 sujetos con EAP estudiados en una unidad de angiología y comparados con 400 sujetos sin EAP que la frecuencia del alelo -250A del gen *LIPC* fue mucho mayor en casos que en controles. Además, nuestro grupo (Valdivielso P, Ariza MJ, de la Vega-Román C, González-Alegre T, Rioja J, Ulzurrun E, González-Santos P, 2008, *Journal of Diabetes and its Complications*: 22) ha mostrado recientemente una asociación similar en sujetos con diabetes tipo 2.

El método descrito inicialmente para el genotipado de este polimorfismo, -250G/A (Su Z, Zhang S, Nebert DW, Zhang L, Huang D, Hou Y, Liao L, Xiao C, 2002, *Journal of Lipid Research*: 43), está basado en el sistema de PCR-RFLP, o genotipado por PCR y restricción, que es el que se utiliza de forma más común para el análisis individual de la mayoría de los SNPs conocidos. En este sistema se amplifican mediante la reacción en cadena de la polimerasa los fragmentos polimórficos del gen o genes en estudio, el fragmento amplificado se digiere, con un enzima de restricción concreto pues el polimorfismo suele causar la aparición o eliminación de un sitio de restricción y el perfil de bandas específico de cada genotipo se visualiza empleando geles de agarosa o acrilamida.

Las principales ventajas de la presente invención en relación al método convencional (PCR-RFLP) son: a. una mayor rapidez que permite el genotipado a mayor escala (mayor número de muestras) ya que la reacción de PCR y la detección de la señal fluorescente son simultáneas, la asignación de genotipos está automatizada y se obtiene inmediatamente al finalizar la reacción, b. mayor sensibilidad, debido al empleo de una señal fluorescente, por lo que se pueden genotipar muestras empleando concentraciones muy bajas de ADN genómico, c. menor riesgo de contaminación, al tratarse de un ensayo homogéneo, es decir el procedimiento se realiza en una sola etapa.

Otro método descrito en la literatura (Zacharova J, Todorova BR, Chiasson JL, Laakso M for the STOP_NIDDM study group, 2005, *Journal of Internal Medicine*: 257) para el genotipado del polimorfismo que se incluye en la invención es el empleo de un ensayo de genotipado basado en el mismo principio pero dependiente del uso de los kits y aparatos de la empresa que ha desarrollado el método (Applied Biosystems). Las secuencias de cebadores y sondas que se emplean en este sistema, así como el mareaje por fluorescencia de estas últimas, difieren completamente de las comprendidas en la presente invención, cuya principal ventaja en relación a este método es que el kit propuesto puede emplearse en cualquier máquina de PCR en tiempo real que detecte al menos dos colores (longitudes de onda) de fluorescencia.

También es posible genotipar los polimorfismos de interés mediante secuenciación directa, sin embargo este sistema no se utiliza rutinariamente para el genotipado de un gran número de muestras sino para la detección de nuevos polimorfismos en los genes de interés.

El solicitante de la presente patente no tiene conocimiento de ninguna publicación que haga referencia a otras soluciones alternativas comparables a las que proporciona la invención para este polimorfismo.

Descripción detallada de la invención

Definiciones

5 Polimorfismo -250G/A: A lo largo de la descripción este término hace referencia a la variante nucleotídica del gen *LIPC* definida por la aparición de un cambio G por A en la posición -250 de la región promotora (exón 1).

Ensayo: A lo largo de la descripción este término hace referencia al conjunto de procedimientos que permiten llevar a cabo el genotipado del polimorfismo.

10 Sondas lineales fluorogénicas: A lo largo de la descripción este término hace referencia a las secuencias nucleotídicas, complementarias de la región polimórfica de la variante, que llevan acoplado un fluorocromo de referencia, distinto para cada sonda, y una molécula extintora en el extremo 3' de dicha secuencia.

Objeto de la invención

15 La presente invención se refiere a un conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*.

20 El procedimiento, representado esquemáticamente en la Figura 1, consiste en una única reacción de PCR en la que se aprovecha la actividad 5' exonucleasa del enzima Taq polimerasa. En la reacción de PCR están presentes cuatro oligonucleótidos: dos cebadores específicos que flaquean el polimorfismo de interés y dos sondas lineales fluorogénicas, específicas de cada alelo. Estas sondas están marcadas en el extremo 5' con un fluorocromo de referencia, distinto para cada sonda, y una molécula extintora en el 3'. Cuando las sondas están intactas, la señal emitida por la excitación del fluorocromo de referencia es captada por la molécula extintora, debido a la proximidad física entre ambas, y por
25 tanto no se detecta (figura 1a). La señal fluorescente, diferente para cada alelo, sí se detecta cuando la sonda híbrida con el alelo totalmente complementario y se libera el fluorocromo de referencia, por la actividad 5'→3' exonucleasa de la polimerasa, durante los ciclos de la reacción de PCR (figura 1b y 1c).

30 De este modo, constituye un primer objeto de la presente invención un conjunto de cebadores para el genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*, en el cual al menos dos de los cebadores de dicho conjunto presentan secuencias que comprenden a las secuencias mostradas en las SEQ ID NO 1 y SED ID NO 2. Preferentemente, dicho conjunto está formado por un primer cebador cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 1 y por un segundo cebador cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 2. Más preferentemente, la secuencia de nucleótidos del primer cebador es idéntica a la SEQ ID NO 1 y la secuencia de nucleótidos del segundo cebador es idéntica a la SEQ ID NO 2.

40 Constituye un segundo objeto de la presente invención un conjunto de sondas para el genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*, en el cual al menos dos de las sondas de dicho conjunto presentan secuencias que comprenden a las secuencias mostradas en las SEQ ID NO 3 y SED ID NO 4. Preferentemente, dicho conjunto está formado por una primera sonda, específica del alelo más frecuente (-250G), cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 3, y por una segunda sonda, específica del alelo menos frecuente (-250A), cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 4. Más preferentemente, la secuencia de nucleótidos de la primera sonda es
45 idéntica a la SEQ ID NO 3, y la secuencia de nucleótidos de la segunda sonda es idéntica a la SEQ ID NO 4. Dicha primera sonda, específica del alelo más frecuente, se marca por fluorescencia en el extremo 5' con 6-carboxifluoresceína (Fam) y en el extremo 3' con carboxitetrametilrodamina (Tamra); y dicha segunda sonda, específica para el alelo menos frecuente, se marca por fluorescencia en el extremo 5' con hexaclorofluoresceína (Hex) y en el extremo 3' con carboxitetrametilrodamina (Tamra).

50 Constituye un tercer objeto de la presente invención un procedimiento para el genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*, que comprende la amplificación mediante PCR de una muestra de ADN usando el conjunto de cebadores anteriormente referido, y la detección mediante fluorescencia y genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* usando el conjunto de sondas anteriormente referido.

55 Constituye un cuarto objeto de la presente invención un kit para genotipado de polimorfismos genéticos, y más concretamente para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC*, que comprende al menos un conjunto de cebadores y un conjunto de sondas tal y como los anteriormente referidos.

60 Preferentemente, el kit comprende:

- a. dos cebadores con secuencias de nucleótidos idénticas a las SEQ ID NO 1 y SEQ ID NO 2, y
- 65 b. dos sondas con secuencias de nucleótidos idénticas a las SEQ ID NO 3 y SED ID NO 4, para la detección del alelo más frecuente y del alelo menos frecuente, respectivamente; y marcadas por fluorescencia en el extremo 5' con 6-carboxifluoresceína (Fam) y con hexaclorofluoresceína (Hex), respectivamente, y en el extremo 3' con carboxitetrametilrodamina (Tamra).

Descripción de los dibujos

Figura 1. Representación gráfica del principio teórico que soporta la presente la invención. Las sondas en solución, es decir, sin hibridar con su alelo específico, no se detectan, pues la fluorescencia que emite el fluorocromo al ser excitado es captada por el extintor (a). Cuando una de las sondas, específica de uno de los alelos, híbrida con la secuencia del ADN molde complementaria, la actividad exonucleasa 5'→3' del enzima Taq polimerasa libera el fluoróforo, que emite una señal fluorescente detectable (b y c).

Figura 2. Visualización en geles de agarosa al 3% de la reacción de amplificación del fragmento polimórfico de la variante -250G/A del gen *LIPC*. Las temperaturas del gradiente aplicado se indican en la parte de superior de la figura para cada calle del gel. Los tamaños de las bandas correspondientes al marcador de peso molecular (PM) y el tamaño de fragmento esperado, en pares de bases, se indican a la izquierda y a la derecha, respectivamente.

Figura 3. Curvas de amplificación generadas por la emisión de fluorescencia de cada una de las sondas diseñadas [(A) corresponde a la lectura de fluorescencia Fam, y (B) a la lectura de fluorescencia Hex) en un ensayo realizado a 58°C. Las curvas numeradas como (1) corresponden a la mezcla que sólo contiene la sonda Fam -250G, las numeradas como (2) corresponden a la mezcla sólo con Hex -250A, las curvas numeradas como (3) a las muestras ensayadas con la mezcla con las dos sondas. Junto a cada curva se indica el genotipo de la muestra empleada. (C) Gráfica de discriminación alélica y la asignación de los genotipos realizada por la aplicación informática de la máquina de PCR para los umbrales de fluorescencia seleccionados. Se representan los datos de fluorescencia obtenidos en el ciclo 38 para dos réplicas de las muestras de ADN de genotipo conocido ensayadas con la mezcla que contenía las dos sondas. Las unidades relativas de fluorescencia correspondientes a la sonda Fam aparecen en el eje X y las de las sondas Hex en el eje Y. La línea vertical representa el valor umbral de fluorescencia de la sonda Fam a partir del cual se considera la presencia del alelo específico, es decir, el más frecuente ("Allele 1"). La línea horizontal es el umbral de fluorescencia de la sonda Hex y, por tanto, los valores de fluorescencia que superen dicho umbral indican la presencia del alelo menos frecuente ("Allele 2"). Los símbolos empleados por la aplicación informática se observan en la parte superior del panel. En la gráfica mostrada, el círculo corresponde a Homo o "Allele 1", el triángulo corresponde a Het o "heterozygote", el cuadrado corresponde al Mut o "Allele 2" y rombo corresponde al blanco o "none". A la derecha de la gráfica, tabla con la asignación automática de genotipos realizada por la aplicación informática de la máquina de PCR para los umbrales de fluorescencia seleccionados. "ID 1" e "ID 2" indican el genotipo conocido de las muestras. "Call" indica el genotipo asignado por la aplicación informática.

Figura 4. (A) Gráfica de discriminación alélica para las muestras del gradiente de temperatura realizado con un ensayo -250G/A. Se representan los datos de fluorescencia obtenidos en el ciclo 38. Las muestras de genotipo conocido (Hornos, Het y Mut) se representan unidas por líneas para cada temperatura del gradiente, indicadas al lado de dichas líneas. La asignación automática de genotipos, considerando los umbrales de fluorescencia seleccionados, se identifica mediante los símbolos empleados por la aplicación informática de la máquina de PCR. En la gráfica mostrada, el círculo corresponde a Homo o "Allele 1", el triángulo corresponde a Het o "heterozygote", el cuadrado corresponde al Mut o "Allele 2" y rombo corresponde al blanco o "none". (B) Tabla con la asignación automática de genotipos realizada por la aplicación informática de la máquina de PCR para los umbrales de fluorescencia seleccionados. "ID 1" e "ID 2" indican el genotipo conocido de las muestras. "Call" indica el genotipo asignado por la aplicación informática. Las muestras nombradas como B, C, D, E y F corresponden a las temperaturas del gradiente 61,5; 60; 58; 56 y 54°C, respectivamente.

Figura 5. (A) Gráfica de discriminación alélica para un ensayo -250G/A realizado para un conjunto de 87 muestras de ADN extraído a partir de sangre entera de personas no emparentadas. Se incluyen réplicas de muestras de ADN de genotipo conocido: 2 Homo, 2 Het y 2 Mut, y 2 blancos sin ADN. Se representan los datos de fluorescencia correspondientes al ciclo 35. (B) Vista parcial de la ventana de asignación automática de genotipos que realiza la aplicación informática de la máquina de PCR.

Modos de realización de la invención

La presente invención se ilustra mediante los siguientes ejemplos sin carácter limitativo y cuyo objeto es facilitar su mejor comprensión.

Diseño de cebadores y sondas

Para la obtención de las secuencias oligonucleotídicas comprendidas en la presente invención se realizaron los oportunos estudios bioinformáticos para el análisis de parámetros claves, relacionados a continuación:

- Se deben seleccionar secuencias que impidan la formación de horquillas estables, dímeros o heterodímeros.
- Los cebadores deben diseñarse para amplificar un fragmento pequeño, entre 60 y 150 pb, y así propiciar que la reacción de PCR sea eficaz.

ES 2 337 751 A1

- La temperatura de fusión de los cebadores no debe ser muy alta, recomendándose un rango entre 54 y 60°C. En el caso de las sondas, debe ser varios grados superior para favorecer que hibriden con su secuencia totalmente homologa antes que los cebadores, ya que el proceso de amplificación es tan rápido que de no ser así no se detectarían dichas secuencias.
- La diferencia de temperatura de fusión entre las dos sondas específicas de cada alelo no debe superar los dos grados.
- Deben evitarse las repeticiones de más de cuatro nucleótidos, especialmente Gs y Cs. Esto favorece la formación de estructuras secundarias y el aumento de las temperaturas de fusión en oligonucleótidos cortos.
- La proporción de Gs y Cs de las sondas no debe superar el 80%.
- Las sondas no pueden tener ninguna G en el extremo 5' ya que esta base dificulta la emisión de fluorescencia. Por el mismo motivo es preferible que las sondas tengan la secuencia de la hebra del ADN molde que contenga la menor proporción de Gs.
- Debe priorizarse la proximidad entre el cebador y la sonda.
- Las sondas no pueden ser muy largas, lo que aumentaría la estabilidad de la hibridación con los alelos no específicos y habría más distancia entre el fluoróforo de referencia y la molécula extintora. Se recomienda un máximo de 33 nucleótidos y el nucleótido polimórfico debe situarse lo más centrado posible.

Las secuencias nucleotídicas específicas comprendidas en la presente invención y objeto de una realización preferida (SEQ ID NO 1-4) aparecen en la tabla 1.

Optimización de los ensayos. Desarrollo de un kit de genotipado

Durante el proceso de optimización se comprobó, como se describe a continuación, la especificidad de las secuencias de cebadores y sondas, se seleccionó la temperatura más adecuada de la etapa de hibridación/extensión de la reacción de PCR que tiene lugar en los ensayos, y también la proporción de los cebadores y de las sondas específicas de cada alelo presentes en la mezcla de reacción.

TABLA 1
Secuencias nucleotídicas objeto de la invención

Polimorfismo	Secuencia (5'→3')	bases	% G/C	Tf *
-250G/A				
Cebador directo (SEQ ID NO1)	CGACCTTTGGCAGAATTTC	19	47.4	54.5
Cebador reverso (SEQ ID NO 2)	CCAAGGTCAGAGTTCCAAAT	20	45.0	55.3
Sonda específica del alelo más frecuente (SEQ ID NO 3)	Fam- ACAGTAGCTTTAAGTTGATTAATTTGG -Tamra	27	29.6	57.4
Sonda específica del alelo menos frecuente (SEQ ID NO 4)	Hex- ACAGTAGCTTTAAATTGATTAATTTGG A-Tamra	28	25.0	56.3

* Temperaturas de fusión teóricas (°C) indicadas por el fabricante

ES 2 337 751 A1

Amplificación del fragmento polimórfico. Especificidad de los cebadores

El primer conjunto de análisis llevado a cabo para la optimización de los ensayos consistió en la realización de una serie de reacciones de PCR, empleando los cebadores directo y reverso y las condiciones de reacción necesarias, con objeto de verificar la obtención de un único producto de amplificación así como el rango de temperaturas en el que es posible obtenerlo.

Las reacciones se realizaron en placas multipocillo, en un volumen de 15 μ L con 50 ng de ADN genómico, además de controles sin ADN, utilizando, diluida a la mitad, la mezcla de reacción iQTM SYBR Green Supermix (SYBR Green I y fluoresceína 20 nM, KCl 100 mM, Tris-HCl 40 mM, pH 8.4, dATP, dCTP, dGTP y dTTP todos 0.4 mM, 50 U/mL de iTaq ADN polimerasa, MgCl₂ 6 mM, y estabilizadores) y los cebadores directo y reverso en una concentración 300 nM.

El protocolo térmico consistió en un paso inicial de desnaturalización del ADN y activación del enzima iTaq ADN polimerasa de 5 minutos a 95°C. A continuación, transcurrieron 42 ciclos con dos pasos, uno de desnaturalización de 30 segundos a 95°C y otro de 45 segundos de hibridación y extensión en el que se aplicó un gradiente de temperatura.

Los tamaños e intensidad de los fragmentos obtenidos para cada temperatura se visualizaron haciendo migrar una alícuota de la reacción de amplificación en geles de agarosa (figura 2). Los resultados muestran que la amplificación tiene lugar para todas las temperaturas del gradiente ensayadas obteniéndose un único fragmento del tamaño esperado.

Detección de la señal fluorescente. Especificidad de las sondas

Una vez comprobada la especificidad y eficacia de las parejas de cebadores se realizó un primer ensayo con las sondas fluorogénicas diseñadas para comprobar si era posible detectar la señal fluorescente emitida durante la reacción de PCR.

El primer ensayo con las sondas lineales fluorogénicas se realizó con la misma mezcla de reacción anterior pero sin SYBR green ni fluoresceína, aplicando un protocolo térmico consistente en un paso de 5 minutos a 95°C y 42 ciclos de dos pasos: 30 segundos de desnaturalización a 95°C y 45 segundos de hibridación/extensión a la temperatura menos restrictiva del gradiente del experimento anterior, concretamente a 58°C.

Se utilizaron como controles muestras de ADN de sujetos con el genotipo previamente determinado mediante amplificación por PCR y restricción: homocigotos para los alelos más frecuentes (Homo), heterocigotos (Het) y homocigotos para los alelos menos frecuentes o mutantes (Mut).

Se prepararon tres mezclas de reacción diferentes: una con cada sonda, Fam -250G (100 nM) o Hex -250A (200 nM) por separado, y otra con las dos juntas: Fam -250G a 100 nM y Hex -250A a 200 nM, en los tres casos con 300 nM de los cebadores directo y reverso. Cada mezcla se ensayó con 50 ng del ADN de cada genotipo por duplicado y con blancos sin ADN.

Los datos de fluorescencia generados por la eliminación del fluoróforo del extremo 5' de las sondas fueron recogidos durante la etapa de hibridación/extensión. El análisis de estos datos se llevó a cabo estudiando las curvas de amplificación (figura 3A y 3B) y, en el caso de la mezcla que contenía las dos sondas, también mediante la modalidad de discriminación alélica de la máquina de PCR (figura 3C).

Se comprobó que ambas sondas generan una señal fluorescente que permite monitorizar la reacción de PCR, tanto cuando se utilizan individualmente [figura 3A(1) y 3B(2)] como cuando se utilizan las dos a la vez [figura 3A(3) y 3B(3)].

Optimización de los protocolos térmicos. Temperatura óptima de la etapa de hibridación/extensión

Para optimizar la temperatura de la etapa de hibridación/extensión de los ensayos se realizaron experimentos en gradiente con la mezcla de reacción que contiene las parejas de cebadores y sondas específicas de cada polimorfismo.

Las reacciones de PCR se realizaron empleando 50 ng de muestras de ADN de sujetos con genotipo conocido, por duplicado, y aplicando un protocolo térmico consistente en un paso de 5 minutos a 95°C y 42 ciclos de dos pasos: 30 segundos de desnaturalización a 95°C y 45 segundos de hibridación/extensión en gradiente entre 54 y 61,5°C.

Se realizó el análisis de los datos mediante la modalidad de discriminación alélica de la aplicación informática que controla la máquina de PCR para valorar el comportamiento de las sondas Fam y Hex simultáneamente.

Como se muestra en la figura 4 se comprueba que la asignación de genotipos es correcta para las muestras ensayadas a 58 y 60°C. Del grupo de temperaturas que permiten la asignación correcta de genotipos para cada polimorfismo se seleccionan como temperaturas de ensayo aquellas en las se produce la máxima señal fluorescente en ausencia de fluorescencia inespecífica (ruido de fondo) y se mantiene la mejor proporcionalidad en la fluorescencia emitida por cada sonda para los tres genotipos posibles. De esta forma, se establece en 58°C la temperatura de ensayo preferida para el polimorfismo -250G/A.

Optimización de otras variables

Se realizaron diversos ensayos empleando distintas concentraciones de sonda Hex (100, 200 y 300 nM) así como diferentes concentraciones de cebadores (200, 300 y 500 nM) y la separación en dos pasos de la etapa de hibridación y extensión (hibridación a 58°C 30 segundos más extensión a 72°C 30 segundos). En todos los casos fue posible asignar los genotipos de forma correcta. Se decidió escoger la concentración intermedia de sonda Hex (200 nM) pues puede garantizar mejor que la de 100 nM la discriminación de genotipos en muestras de baja concentración de ADN e implica un coste menor del ensayo que la de 300 nM. Finalmente no se incluyó una etapa de extensión que alargaría el tiempo de ensayo.

Se realizaron también diversos ensayos empleando distintas cantidades de ADN molde (5, 10, 25 y 50 ng de cada genotipo por duplicado). El análisis de los datos, por grupo de muestras correspondientes a cada cantidad de ADN, mediante la modalidad de discriminación alélica, demostró que es posible distinguir de forma específica los tres genotipos para todas las cantidades de ADN ensayadas.

Aplicación en muestras amplias de genotipo desconocido

En un ejemplo de aplicación del procedimiento sobre un conjunto de muestras amplio (88 muestras) se distribuyeron alícuotas de 2.5 µL del ADN genómico, con un rango de concentración en ng/µL de $34,94 \pm 12,30$, en placas multipocillo. En cada placa, además de las muestras a genotipar, se incluyeron 50 ng de los correspondientes controles de ADN con genotipo conocido (Homo, Het y Mut), y un blanco sin ADN. Las condiciones de ensayo fueron las siguientes:

Mezcla de reacción (15 µL de volumen final):

- ADN molde (muestras homogéneas entre 5 y 50 ng)
- KCl 50 mM, Tris-HCl 20 mM, pH 8.4; dATP, dCTP, dGTP y dTTP, todos 0.2 mM; 0.375 U de iTaq ADN polimerasa, MgCl₂ 3 mM
- Cebadores directo y reverso (SEQ ID NO 1 y SEQ ID NO 2, respectivamente; tabla 1) 300 nM
- Sonda Fam (SEQ ID NO 3, tabla 1) 100 nM
- Sonda Hex (SEQ ID NO 4, tabla 1) 200 nM

Protocolo térmico:

- 1 ciclo de desnaturalización y activación de la polimerasa de 5 minutos
- 42 ciclos con dos pasos: 30 segundos de desnaturalización a 95°C y 45 segundos de hibridación/extensión a 58°C.

Los resultados obtenidos se muestran en la figura 5. En el ejemplo descrito se obtuvieron 47 muestras -250GG (homocigotos para el alelo más frecuente), 36 muestras -250GA (heterocigotas), y 4 muestras -250AA (homocigota para el alelo menos frecuente). Para todas las muestras de la placa se verificó el genotipado mediante el método convencional de PCR y restricción, siendo la concordancia entre los dos métodos del 100%.

REIVINDICACIONES

5 1. Conjunto de cebadores para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* **caracterizado** porque al menos dos de los cebadores de dicho conjunto presentan secuencias que comprenden a las secuencias mostradas en las SEQ ID NO1 y SED ID NO 2.

10 2. Conjunto de cebadores para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque dicho conjunto está formado por un primer cebador cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 1 y por un segundo cebador cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 2.

15 3. Conjunto de cebadores para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque la secuencia de nucleótidos del primer cebador es idéntica a la SEQ ID NO 1 y la secuencia de nucleótidos del segundo cebador es idéntica a la SEQ ID NO 2.

20 4. Conjunto de sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* **caracterizado** porque al menos dos de las sondas de dicho conjunto, una de ellas específica del alelo más frecuente (-250G) y la otra específica del alelo menos frecuente (-250A), presentan, respectivamente, secuencias que comprenden a las secuencias mostradas en las SEQ ID NO 3 y SED ID NO 4.

25 5. Conjunto de sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque dicho conjunto está formado por una primera sonda, específica del alelo más frecuente, cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 3, y por una segunda sonda, específica del alelo menos frecuente, cuya secuencia comprende la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO 4.

30 6. Conjunto de sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque la secuencia de nucleótidos de la primera sonda es idéntica a la SEQ ID NO 3, y la secuencia de nucleótidos de la segunda sonda es idéntica a la SEQ ID NO 4.

35 7. Conjunto de sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 6 **caracterizado** porque tanto la sonda específica del alelo más frecuente como la sonda específica del alelo menos frecuente están marcadas por fluorocromos de referencia distintos en el extremo 5' y en el extremo 3' con una molécula extintora.

40 8. Conjunto de sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque la sonda específica del alelo más frecuente está marcada por fluorescencia en el extremo 5' con 6-carboxifluoresceína (Fam) y en el extremo 3' con carboxitetrametilrodamina (Tamra); y la sonda específica para el alelo menos frecuente está marcada por fluorescencia en el extremo 5' con hexaclorofluoresceína (Hex) y en el extremo 3' con carboxitetrametilrodamina (Tamra).

45 9. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* **caracterizado** porque comprende:

- 50 a. la amplificación mediante PCR de una muestra de ADN usando un conjunto de cebadores descrito según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, y
- b. la detección mediante fluorescencia y genotipado usando un conjunto de sondas descrito según la reivindicación 7.

55 10. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* **caracterizado** porque comprende:

- 60 a. la amplificación mediante PCR de una muestra de ADN usando un conjunto de cebadores descrito según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, y
- b. la detección mediante fluorescencia y genotipado usando un conjunto de sondas descrito según la reivindicación 8.

65 11. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque la detección mediante fluorescencia y genotipado se realiza usando las sondas descritas según la reivindicación 8 de forma que, en la mezcla de reacción, la sonda específica del alelo más frecuente se encuentra a una concentración de 100 nM, y la sonda específica del alelo menos frecuente se encuentra a una concentración en el rango de 100 a 300 nM.

ES 2 337 751 A1

12. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque, en la mezcla de reacción, la sonda específica del alelo menos frecuente se encuentra a una concentración de 200 nM.

5 13. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según cualquiera de las reivindicaciones 11 ó 12 **caracterizado** porque la amplificación mediante PCR comprende un paso inicial de desnaturalización del ADN y activación de la polimerasa de 5 minutos a 95°C, y 42 ciclos con dos pasos: uno de desnaturalización de 30 segundos a 95°C, y otro de hibridación y extensión.

10 14. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque el paso de hibridación y extensión se realiza 45 segundos a una temperatura comprendida en el rango de 54 a 61,5°C.

15 15. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque el paso de hibridación y extensión se realiza a una temperatura de 58°C.

20 16. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación 14 **caracterizado** porque el paso de hibridación y extensión se realiza separadamente: hibridación 30 segundos a una temperatura comprendida en el rango de 54 a 61,5°C, y extensión 30 segundos a 72°C.

25 17. Procedimiento para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* según la reivindicación anterior **caracterizado** porque la hibridación se realiza a una temperatura de 58°C.

30 18. Kit para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* que comprende al menos un conjunto de cebadores descrito según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, y al menos una de las sondas del conjunto de sondas descrito según la reivindicación 7.

35 19. Kit para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen *LIPC* que comprende al menos un conjunto de cebadores descrito según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, y al menos una de las sondas del conjunto de sondas descrito según la reivindicación 8.

35

40

45

50

55

60

65

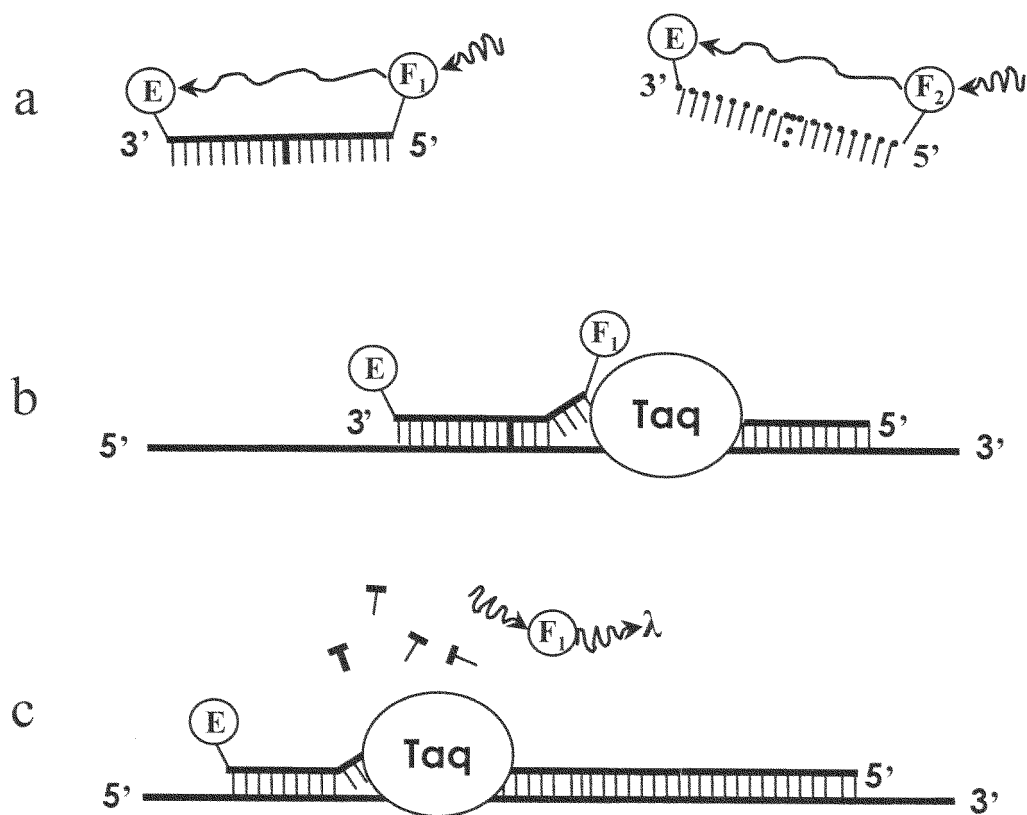


Figura 1

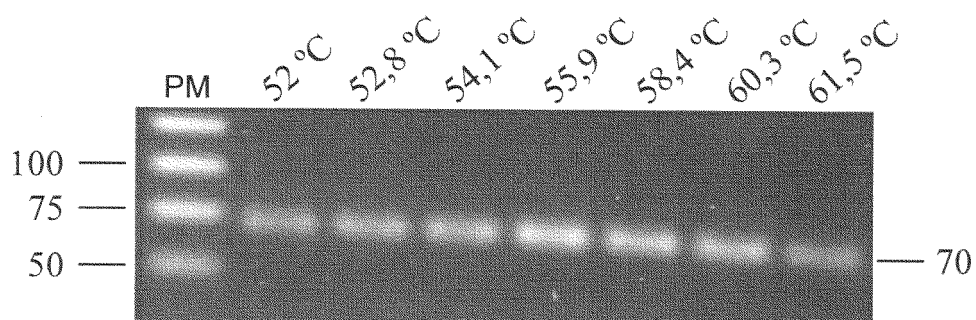


Figura 2

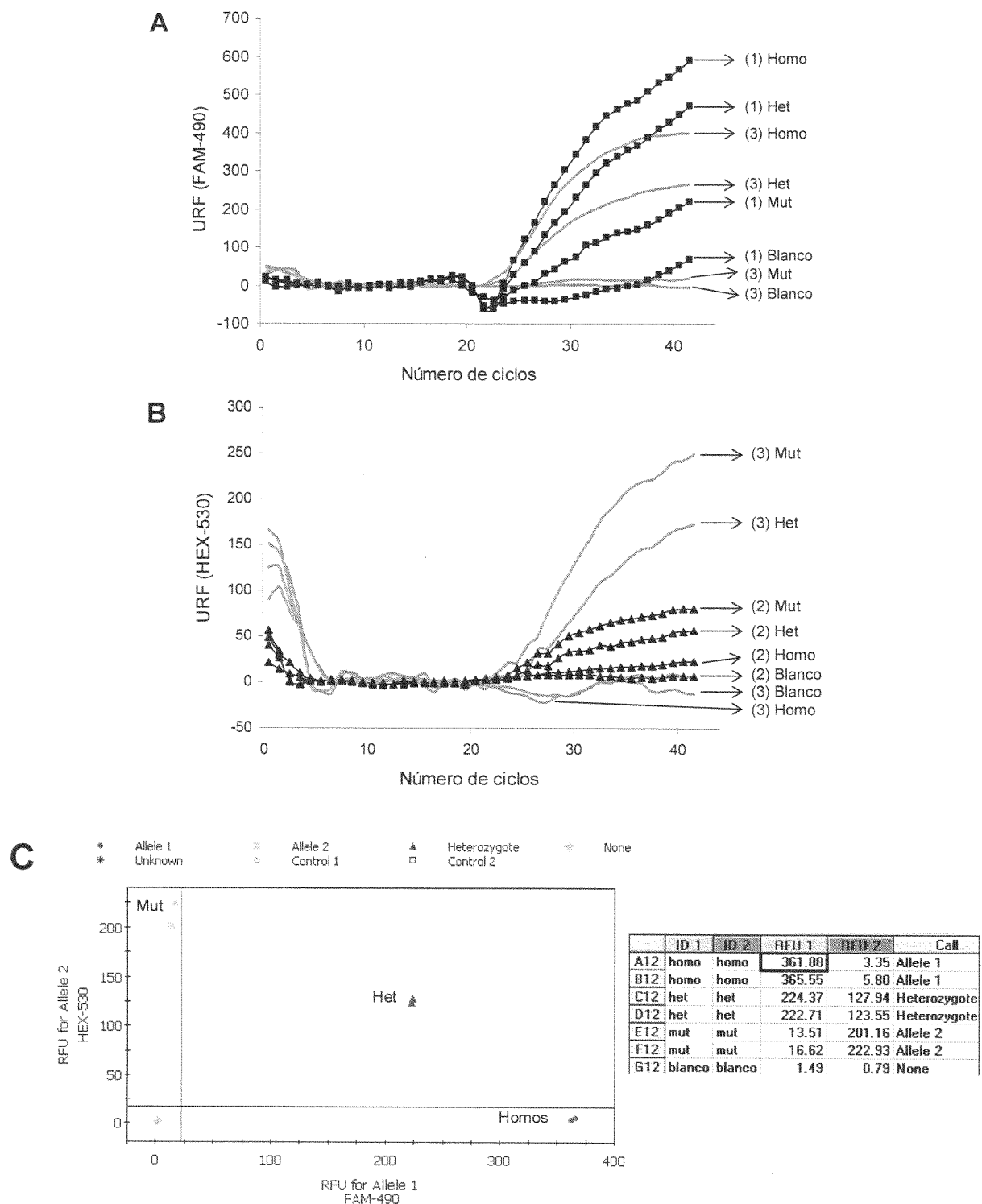
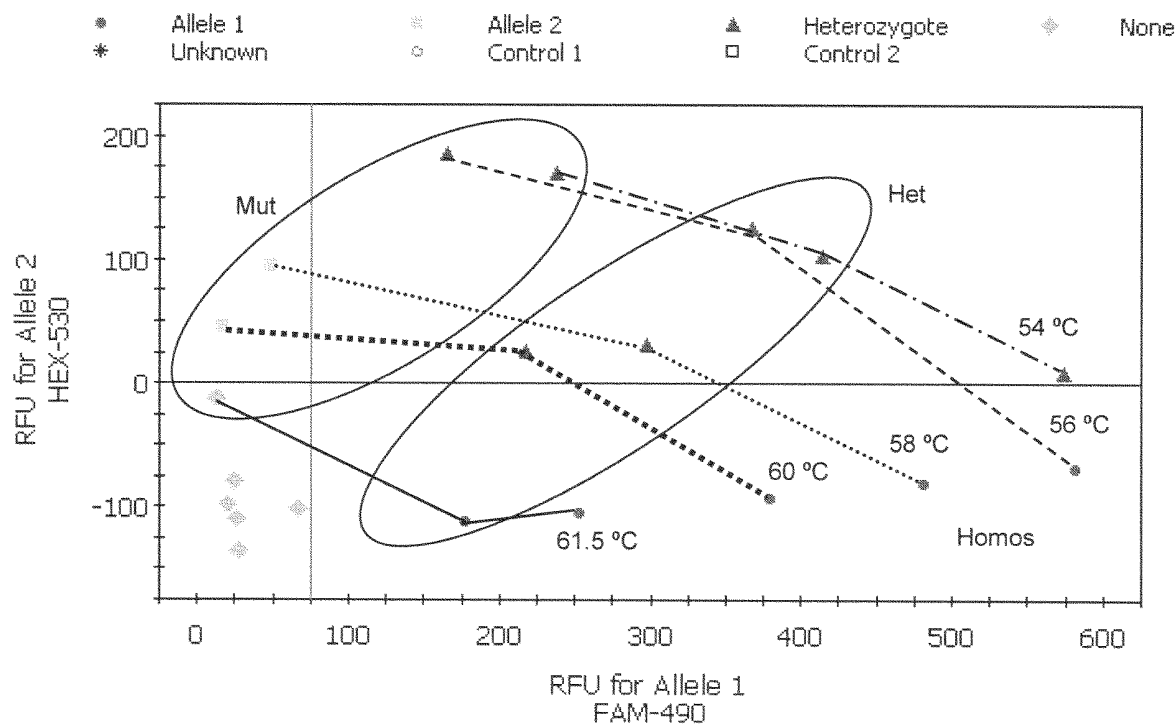


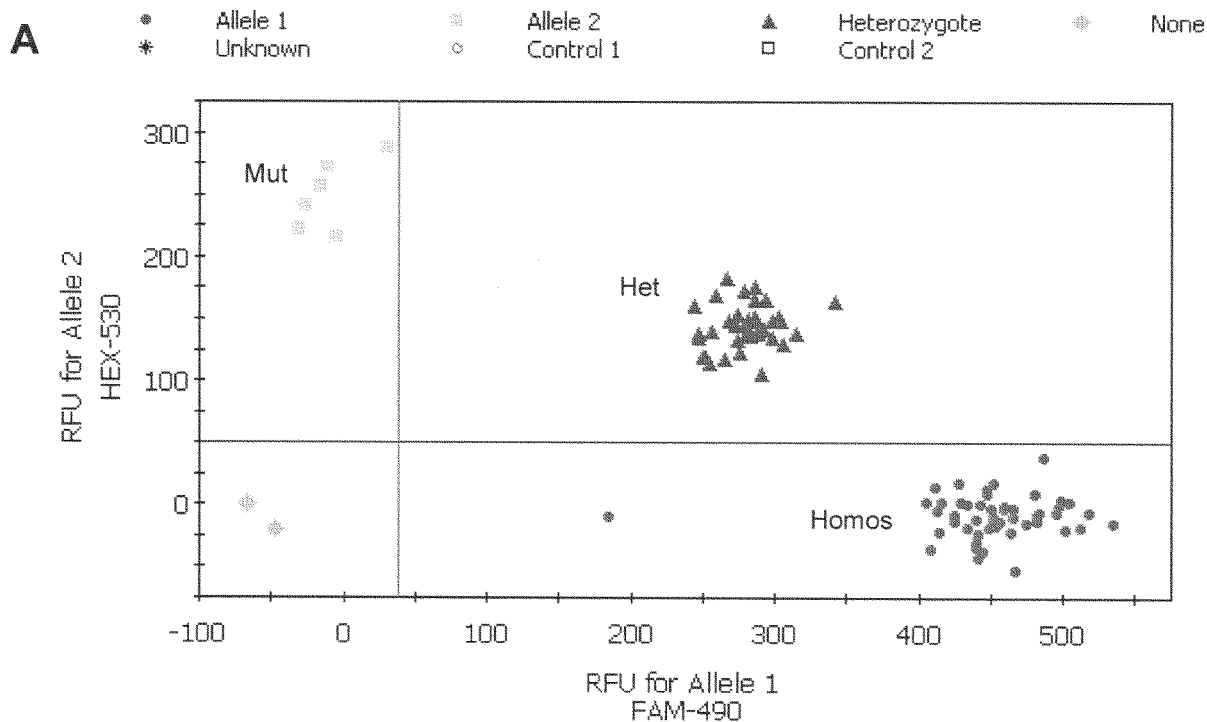
Figura 3

A**B**

	ID 1	ID 2	RFU 1	RFU 2	Call
B1	homo	homo	253.05	-104.29	Allele 1
B3	het	het	177.42	-111.63	Allele 1
B5	mut	mut	12.56	-11.71	None
B7	blanco	blanco	28.00	-135.94	None
C1	homo	homo	379.66	-93.33	Allele 1
C3	het	het	218.49	25.80	Heterozygote
C5	mut	mut	17.08	45.32	Allele 2
C7	blanco	blanco	23.82	-79.20	None
D1	homo	homo	480.44	-80.41	Allele 1
D4	het	het	298.01	31.29	Heterozygote
D5	mut	mut	49.58	94.32	Allele 2
D7	blanco	blanco	26.48	-109.57	None
E1	homo	homo	581.46	-68.99	Allele 1
E3	het	het	367.16	125.07	Heterozygote
E5	mut	mut	165.84	185.67	Heterozygote
E7	blanco	blanco	66.08	-100.35	None
F1	homo	homo	573.93	8.60	Heterozygote
F3	het	het	413.58	102.64	Heterozygote
F5	mut	mut	238.18	170.45	Heterozygote
F7	blanco	blanco	19.55	-98.29	None

Figura 4

ES 2 337 751 A1



B

	ID 2	RFU 1	RFU 2	Call
D12	het	255.51	114.36	Heterozygote
E1		183.58	-9.13	Allele 1
E2		498.66	3.67	Allele 1
E3		251.09	119.75	Heterozygote
E4		481.86	-8.50	Allele 1
E5		480.18	8.97	Allele 1
E6		282.14	149.98	Heterozygote
E7		473.54	-15.65	Allele 1
E8		511.77	-19.13	Allele 1
E9		441.18	-42.10	Allele 1
E10		290.70	104.42	Heterozygote
E11		280.24	137.77	Heterozygote
E12	mut	-16.46	257.07	Allele 2
F1		278.25	144.25	Heterozygote
F2		429.86	2.72	Allele 1
F3		444.17	-36.81	Allele 1
F4		-11.33	271.94	Allele 2
F5		467.14	-52.45	Allele 1
F6		298.89	133.71	Heterozygote
F7		463.84	-22.56	Allele 1

Figura 5

ES 2 337 751 A1

LISTA DE SECUENCIAS

	<110> Universidad de Málaga	
5	<120> Conjunto de cebadores, sondas, procedimiento y kit para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen <i>LIPC</i>	
	<140> P200802185	
10	<141> 2008-07-22	
	<160> 4	
15	<170> PatentIn versión 3.3	
	<210> 1	
	<211> 19	
20	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<223> Secuencia cebador directo	
25	<400> 1	
	cgaccttgg cagaatttc	19
30	<210> 2	
	<211> 20	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<223> Secuencia cebador reverso	
40	<400> 2	
	ccaaggtcag agttccaaat	20
45	<210> 3	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<223> Secuencia sonda específica del alelo más frecuente o sonda Fam -250G	
	<400> 3	
55	acagtagctt taagtgatt aatttgg	27
	<210> 4	
60	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<223> Secuencia sonda específica del alelo menos frecuente o sonda Hex-250A	

ES 2 337 751 A1

<400> 4

acagtagctt taaattgatt aatttgga

28

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

⑪ ES 2 337 751

⑫ Nº de solicitud: 200802185

⑬ Fecha de presentación de la solicitud: **22.07.2008**

⑭ Fecha de prioridad:

INFORME SOBRE EL ESTADO DE LA TÉCNICA

⑮ Int. Cl.: **C12Q 1/68** (2006.01)

DOCUMENTOS RELEVANTES

Categoría	⑯ Documentos citados	Reivindicaciones afectadas
A	ZHAO S. et al. The -250G/A polymorphism in the human hepatic lipase gene promoter affects blood lipids in Chinese. Clinica Chimica Acta. 2006, Vol 365, páginas 149-152. Especialmente, página 149, resumen; página 150, apartado 2.2.2.	1-19
A	VALDIVIESO P. et al. Association of the -250G/A promoter polymorphism of the hepatic lipase gene with the risk of peripheral arterial disease in type 2 diabetic patients. Journal of Diabetes and Its Complications. Marzo 2008. Vol 22, páginas 273-277. Especialmente, página 273, resumen; página 274, columna 2, párrafo 4.	1-19
A	LINDI V. et al. The G-250A polymorphism in the hepatic lipase gene promoter is associate with changes in hepatic lipase activity and LDL cholesterol: The KANWU Study. Nutrition, Metabolism & Cardiovascular Diseases. Febrero 2008, Vol 18(2), páginas 88-95. Especialmente, página 88, resumen; página 90, columna 2, párrafo 3.	1-19
A	ZACHAROVA J et al. The G-250A substitution in the promoter region of the hepatic lipase gene is associated with the conversion from impaired glucose tolerance to type 2 diabetes: the STOP-NIDDM trial. Journal of Internal Medicine. 2005. Vol 257, páginas 185-193. Especialmente, página 185, resumen; página 187, columna 1, párrafo 2.	1-19

Categoría de los documentos citados

X: de particular relevancia

Y: de particular relevancia combinado con otro/s de la misma categoría

A: refleja el estado de la técnica

O: referido a divulgación no escrita

P: publicado entre la fecha de prioridad y la de presentación de la solicitud

E: documento anterior, pero publicado después de la fecha de presentación de la solicitud

El presente informe ha sido realizado

☒ para todas las reivindicaciones

☐ para las reivindicaciones nº:

Fecha de realización del informe

14.04.2010

Examinador

Mª D. García Grávalos

Página

1/5

Documentación mínima buscada (sistema de clasificación seguido de los símbolos de clasificación)

C12Q

Bases de datos electrónicas consultadas durante la búsqueda (nombre de la base de datos y, si es posible, términos de búsqueda utilizados)

INVENES, EPODOC, WPI, BIOSIS, MEDLINE, EMBASE, EBI

Fecha de Realización de la Opinión Escrita: 14.04.2010

Declaración

Novedad (Art. 6.1 LP 11/1986)	Reivindicaciones	1-19	SÍ
	Reivindicaciones		NO
Actividad inventiva (Art. 8.1 LP 11/1986)	Reivindicaciones	1-19	SÍ
	Reivindicaciones		NO

Se considera que la solicitud cumple con el requisito de **aplicación industrial**. Este requisito fue evaluado durante la fase de examen formal y técnico de la solicitud (Artículo 31.2 Ley 11/1986).

Base de la Opinión:

La presente opinión se ha realizado sobre la base de la solicitud de patente tal y como ha sido publicada.

1. Documentos considerados:

A continuación se relacionan los documentos pertenecientes al estado de la técnica tomados en consideración para la realización de esta opinión.

Documento	Número Publicación o Identificación	Fecha Publicación
D01	ZHAO S. et al. Clinica Chimica Acta. 2006, Vol 365, páginas 149-152.	2006
D02	VALDIVIESO P. et al. Journal of Diabetes and Its Complications. Marzo 2008. Vol 22, páginas 273-277.	2008
D03	LINDI V. et al. Nutrition, Metabolism & Cardiovascular Diseases. Febrero 2008, Vol 18(2), páginas 88-95.	2008
D04	ZACHAROVA J et al. Journal of Internal Medicine. 2005. Vol 257, páginas 185-193.	2005

2. Declaración motivada según los artículos 29.6 y 29.7 del Reglamento de ejecución de la Ley 11/1986, de 20 de marzo, de patentes sobre la novedad y la actividad inventiva; citas y explicaciones en apoyo de esta declaración

La presente solicitud divulga un conjunto de cebadores y sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen LIPC que codifica para la lipasa hepática (reivindicaciones 1-8). Se reivindica también el procedimiento para genotipado de dicho polimorfismo, amplificando por PCR una muestra de ADN y empleando el conjunto de cebadores y sondas reivindicados (reivindicaciones 9-17), así como un kit de identificación (reivindicaciones 18-19)

El documento D01 divulga un estudio, realizado con población china, sobre el efecto del polimorfismo genético -250G/A, del gen de la lipasa hepática humana, en los niveles de lípidos en sangre y riesgo de padecer una enfermedad coronaria del corazón. La amplificación por PCR-RFLP de fragmentos del gen LIPC, empleando cebadores específicos (ver página 149, resumen; página 150, apartado 2.2.2)

El documento D02 divulga la asociación entre el polimorfismo genético -250G/A, localizado en la región promotora del gen de la lipasa hepática, con procesos de enfermedad arterial/vascular periférica en pacientes con diabetes tipo 2. La detección de este polimorfismo se realiza mediante amplificación por PCR-RFLP de fragmentos del gen LIPC, empleando cebadores específicos (ver página 273, resumen; página 274, columna 2, párrafo 4)

El documento D03 divulga la asociación entre el polimorfismo genético -250G/A, localizado en la región promotora del gen de la lipasa hepática, con cambios en la actividad de la lipasa hepática y del colesterol LDL. La detección de este polimorfismo se realiza mediante amplificación por PCR-RFLP de fragmentos del gen LIPC, empleando sondas y cebadores específicos (ver página 88, resumen; página 90, columna 2, párrafo 3)

El documento D04 divulga la asociación entre el polimorfismo genético -250G/A, localizado en la región promotora del gen de la lipasa hepática, con procesos de tolerancia alterada de la glucosa (IGT) que preceden a el desarrollo de diabetes tipo 2 mellitus y que implica un mayor riesgo de padecer una patología cardiovascular. La detección de este polimorfismo se realiza mediante amplificación por PCR de fragmentos del gen LIPC, empleando sondas y cebadores específicos (ver página 185, resumen; página 187, columna 1, párrafo 2)

1. NOVEDAD Y ACTIVIDAD INVENTIVA (Art. 6.1 y Art. 8.1 LP 11/1986)

El objeto técnico de la presente solicitud es un conjunto de cebadores y sondas para el genotipado del polimorfismo genético -250G/A del gen LIPC; así como un procedimiento y un kit para realizar dicho genotipado, que incluyen los cebadores y sondas reivindicados.

1.1. REIVINDICACIONES 1-19

El polimorfismo genético -250G/A del gen LIPC es conocido en el Estado de la Técnica, encontrándose en numerosos documentos debido a que este gen codifica para la lipasa hepática humana cuyo déficit por mutación implica un mayor riesgo de padecer enfermedades coronarias y diabetes tipo 2 mellitus. La detección de este polimorfismo por técnicas de PCR, empleando cebadores y sondas específicos es anticipada en los documentos D01-D04, sin embargo estos cebadores y/o sondas no coinciden con los reivindicados.

Hoja adicional

En consecuencia, las reivindicaciones 1-19 cumplen el requisito de novedad y actividad inventiva (Art. 6.1 y Art. 8.1 LP11/1986).