

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété  
Intellectuelle  
Bureau international



(43) Date de la publication internationale  
4 août 2011 (04.08.2011)

PCT

(10) Numéro de publication internationale  
**WO 2011/092675 A2**

- (51) Classification internationale des brevets :  
A61K 39/385 (2006.01) C07K 14/16 (2006.01)  
A61K 47/48 (2006.01) C12N 15/63 (2006.01)  
C07K 16/28 (2006.01) A61P 35/00 (2006.01)  
C07K 16/42 (2006.01) A61P 31/00 (2006.01)
- (21) Numéro de la demande internationale :  
PCT/IB2011/050437
- (22) Date de dépôt international :  
1 février 2011 (01.02.2011)
- (25) Langue de dépôt : français
- (26) Langue de publication : français
- (30) Données relatives à la priorité :  
1000392 1 février 2010 (01.02.2010) FR
- (71) Déposant (pour tous les États désignés sauf US) :  
COMMISSARIAT A L'ENERGIE ATOMIQUE ET  
AUX ENERGIES ALTERNATIVES [FR/FR]; 25, rue  
Leblanc, Bâtiment « Le Ponant D », F-75015 PARIS  
(FR).
- (72) Inventeurs; et
- (75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) :  
LEONETTI, Michel [FR/FR]; 6 rue Claude Monet,  
F-91620 NOZAY (FR). SAVATIER, Alexandra  
[FR/FR]; 6 Boulevard Berchère, Bâtiment B, F-91150  
ETAMPES (FR). GADZINSKI, Adeline [FR/FR]; 18  
rue des Platanes, F-77270 VILLEPARISIS (FR).  
BOULAIN, Jean-Claude [FR/FR]; 9 avenue Georges  
Pompidou, F-91140 VILLEBON (FR).
- (74) Mandataire : CABINET ORES; 36 rue de St  
Petersbourg, F-75008 PARIS (FR).
- (81) États désignés (sauf indication contraire, pour tout titre  
de protection nationale disponible) : AE, AG, AL, AM,  
AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BR, BW, BY, BZ,  
CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO,  
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT,  
HN, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN, KP,  
KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD,  
ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI,  
NO, NZ, OM, PE, PG, PH, PL, PT, RO, RS, RU, SC, SD,  
SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR,  
TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.
- (84) États désignés (sauf indication contraire, pour tout titre  
de protection régionale disponible) : ARIPO (BW, GH,  
GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG,  
ZM, ZW), eurasiatique (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,  
TM), européen (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK,  
EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU,  
LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK,  
SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ,  
GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).
- Publiée :
- sans rapport de recherche internationale, sera republiée  
dès réception de ce rapport (règle 48.2.g)
  - avec la partie de la description réservée au listage des  
séquences (règle 5.2.a)

(54) Title : MOLECULAR COMPLEX FOR TARGETING ANTIGENS TOWARDS CELLS COMPRISING ANTIGENS AND USES THEREOF FOR VACCINATION

(54) Titre : COMPLEXE MOLECULAIRE DE CIBLAGE DES ANTIGÈNES VERS LES CELLULES PRÉSENTATRICE D'ANTIGÈNE ET SES APPLICATIONS POUR LA VACCINATION

(57) Abstract : The invention relates to a molecular complex for targeting the antigen towards cells comprising antigens, including at least one antigen associated with at least two ligands of surface molecules of cells comprising antigens, said complex including at least one first ligand of a sulphated sugar of the glycosaminoglycan family and a second ligand of a specific surface molecule of cells comprising antigens, and said first ligand being covalently bonded with said antigen and/or said second ligand.

(57) Abrégé : Complexe moléculaire de ciblage de l'antigène vers les cellules présentatrices d'antigène, comprenant au moins un antigène associé à au moins deux ligands de molécules de surface de cellules présentatrices d'antigène, ledit complexe comprenant au moins un premier ligand d'un sucre sulfaté de la famille des glycosaminoglycanes et un second ligand d'une molécule de surface spécifique des cellules présentatrices d'antigène, et ledit premier ligand étant lié de façon covalente audit antigène et/ou audit second ligand.



WO 2011/092675 A2

**COMPLEXE MOLECULAIRE DE CIBLAGE DES ANTIGÈNES VERS LES  
CELLULES PRÉSENTATRICES D'ANTIGÈNE ET SES APPLICATIONS  
POUR LA VACCINATION**

La présente invention concerne un nouveau complexe moléculaire de ciblage des antigènes vers les cellules présentatrices d'antigène comprenant au moins un antigène associé à au moins deux ligands de molécules exprimées à la surface des cellules présentatrices d'antigène dont un ligand d'un sucre sulfaté de la famille des glycosaminoglycanes. La présente invention concerne également des compositions contenant ledit complexe et leur utilisation comme vaccin.

Lorsque l'on développe des vaccins on cherche à induire de fortes réponses immunitaires car l'efficacité vaccinnante est, la plupart du temps, corrélée au niveau de réponse immunitaire préalablement généré. L'aptitude à induire des réponses immunitaires élevées présente trois intérêts supplémentaires. Premièrement, elle peut permettre de limiter le nombre de vaccinations à réaliser pour atteindre le niveau d'immunité requis. Deuxièmement, elle peut permettre de se passer d'adjuvant et ainsi éviter les risques de toxicité liés à leur utilisation. Troisièmement, elle peut permettre de diminuer les doses de vaccin injecté et conduire ainsi à l'obtention d'un plus grand nombre de doses de vaccin pour un même niveau de production. Les avantages multiples procurés par la capacité à induire de fortes réponses immunitaires ont donc conduit de nombreux groupes de recherche à tenter de développer des approches ayant pour but d'accroître l'immunogénicité des antigènes à injecter chez l'animal ou chez l'homme.

La réponse immune est initiée au niveau de cellules présentatrices spécialisées, les cellules présentatrices d'antigène (CPA, CPAg ou APC, pour *Antigen Presenting Cell*) incluant les cellules dendritiques (CD ou DC pour *Dendritic Cell*). Les CDs expriment une grande variété de molécules de surface dont les molécules du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) qui lient des fragments d'antigène et les présentent aux lymphocytes T. Ces complexes peptide/molécule du CMH sont reconnus par les récepteurs exprimés à la surface des lymphocytes T qui deviennent ainsi activés et contribuent à la réponse immunitaire. On distingue deux types de molécules du CMH : les molécules du CMH de classe I qui présentent l'antigène aux cellules T CD8<sup>+</sup> et permettent l'induction de la réponse T cytotoxique, et les

molécules du CMH de classe II qui présentent l'antigène à des cellules T CD4<sup>+</sup> et contribuent ainsi au déclenchement et au maintien de la réponse humorale. Les antigènes (Ags) apportés de façon exogène aux CPAgs sont apprêtés pour être généralement associés aux molécules du CMH de classe II. Cependant, les CPAgs et, en particulier les CDs, sont aussi capables d'apprêter les antigènes exogènes et de les présenter en association avec les molécules du CMH de classe I selon un processus dit de présentation croisée (Sigal *et al.*, Nature, 1999, 398, 77-80 ; Rock, K.L., Nature Immunology, 2003, 4, 941-943 ; Kasturi, S. P. et Pulendran, B., Nature Immunology, 2008, 9, 461-463). Ainsi, la présentation antigénique restreinte aux molécules du CMH de classe II et la présentation croisée restreinte aux molécules du CMH de classe I jouent un rôle central dans l'initiation et l'amplification des réponses immunitaires humorale et cytotoxique.

De ce fait, un grand nombre d'approches ayant pour objet d'accroître l'immunogénicité des antigènes sont fondées sur l'amélioration de l'efficacité des mécanismes de présentation et de présentation croisée des antigènes. Comme l'efficacité des deux mécanismes de présentation dépend de la capture préalable des Ags exogènes par les CPAgs, ces approches sont principalement fondées sur le ciblage desdits Ags vers les CPAgs. Pour cibler les Ags, on cherche à atteindre sélectivement les CPAgs car l'interaction avec d'autres cellules dépourvues de capacité de présentation pourrait conduire à une dilution de la quantité d'Ag disponible pour les CPAgs et ainsi à une diminution de la réponse immunitaire. Pour atteindre cette sélectivité, on cible des molécules de surface exprimées essentiellement sur les CPAgs. Les récepteurs de surface des CPAgs qui ont été utilisés avec succès comme cible pour augmenter l'immunogénicité des antigènes sont principalement : les molécules du CMH, notamment de classe II ; des intégrines (CD11c, MAC1), les récepteurs de lectines de type C (récepteur du mannose (CD206), DEC-205(CD205), DC-SIGN (CD209), LOX1, Dectin-1 (récepteur du bêta-glucane), Dectin-2, Clec9A, Clec12A, DCIR2, FIRE, CIRE), les immunoglobulines de surface ou immunoglobulines membranaires, les récepteurs pour la région constante des immunoglobulines (FcR ou RFc) et notamment des IgG (RFc $\gamma$ , RFc $\gamma$ gamma, Fc $\gamma$ R : Fc $\gamma$ RI (CD64), Fc $\gamma$ RII (CD32), Fc $\gamma$ RIII (CD16)), la superfamille des récepteurs du TNF (CD40) et les récepteurs du complément (récepteur du composant C5a ou de C3d

(CD21) ; pour une revue voir notamment Keler *et al.*, *Oncogene*, 2007, 26, 3758-3767 ; Tacken *et al.*, *Nature Reviews, Immunology*, 2007, 7, 790- ; Shortman *et al.*, *Exp. Mol. Med.*, 2009, 41, 61-66 ). Le ciblage d'autres récepteurs de CPAgs, notamment le récepteur de protéines de choc thermique (HSR pour *Heat Shock Protein Receptor*) comme la molécule CD91 (Demande Internationale WO 03/084467) et le récepteur de l'interféron-gamma (Demande US 2007/0031445) a également été rapporté. Le ciblage de l'antigène vers les CPAgs est réalisé avec un antigène associé à un ligand de ces molécules de surface de CPAgs.

Ce ligand est généralement un anticorps (Ac) monoclonal spécifique de ces molécules de surface des CPAgs ou un fragment dérivé (F(ab')<sub>2</sub>, scFv). Dans ce type de vaccin, dénommé vaccin ciblé par anticorps ou ATV (*Antibody-Targeted Vaccine*), l'Ag est généralement lié à l'Ac en un site distinct du paratope, le plus souvent à l'extrémité C-terminale de la chaîne lourde (région constante) d'un anticorps complet ou de l'une des régions variables (VH ou VL) d'un fragment d'anticorps à chaîne unique (scFv). Le couplage de l'Ag à l'anticorps est, soit un couplage covalent comme un couplage chimique ou une fusion génétique (protéine de fusion), soit un couplage non-covalent par des complexes streptavidine-biotine ou des complexes entre l'Ac et l'Ag couplé ou fusionné à une protéine (protéine A) ou un fragment de protéine qui lie les immunoglobulines. Des vaccins ciblés par anticorps sont notamment décrit dans le Brevet US 6, 365, 161 (Ac anti-FcR), les Demandes Internationales PCT WO 99/29344, WO 00/00156 (Ac anti-CMH II, anti-CD11c), WO 01/64254 (Ac anti-FcR et fragment Fc d'immunoglobulines polyclonales), WO 2008/097866 (Ac anti-DCIR), WO 2008/103953 (Ac anti-LOX1), la Demande US 2004/0258688 (Ac anti-DEC-205), Bozzacco *et al.*, *PNAS*, 2007, 104, 1289-1294 (Ac anti-DEC-205), Tacken *et al.*, *J. Immunol.*, 2008, 180, 7687-7696 (Ac anti-DC-SIGN), la Demande FR 2 759 296 et Léonetti *et al.*, *J. Immunol.*, 1998, 160, 3820-3827 (Ac anti-CMH II, Ac anti-IgG-F(ab')<sub>2</sub>, Ac anti-IgM). Ces vaccins ciblés par anticorps ont montré que le ciblage permet d'augmenter considérablement la capture de l'Ag par les CPAgs et son endocytose dans les compartiments de l'apprêtement ce qui permet d'accroître la présentation antigénique aux cellules T et donc la capacité de l'Ag à stimuler des cellules T et à induire la réponse immunitaire. Le ciblage à l'aide de ligands vers les CPAgs représente donc une voie de choix pour augmenter

l'immunogénicité de molécules d'intérêt vaccinant. Ces approches réalisées en présence ou en absence d'adjuvant ont conduit à des résultats prometteurs. Il a notamment été montré que l'on peut induire plus efficacement la réponse CTL restreinte au CMH classe I ainsi que la réponse T auxiliaire restreinte au CMH de classe II. Ces réponses immunitaires permettent d'envisager une amélioration des défenses vis-à-vis des maladies infectieuses et des cancers. Cependant, aucun vaccin n'a, à ce jour, été commercialisé sur la base de ces approches ce qui suggère que la capacité à induire des réponses immunitaires protectrices reste insuffisante.

Alternativement, le ligand est un anticorps polyclonal spécifique de l'antigène, le vaccin étant alors constitué de complexes Ac/Ag (complexes immuns, CI ou IC pour *Immune Complex*), éventuellement associés à une protéine qui lie les immunoglobulines (Ig) comme la protéine A de *S. aureus* (Léonetti *et al.*, J. Exp. Med., 1999, 189, 1217-1228). Différentes études ont montré que des anticorps spécifiques d'un antigène donné peuvent accroître la présentation aux cellules T auxiliaires, en délivrant les complexes immuns aux récepteurs Fc pour les IgG (RFcγ ou récepteur Fcγ1) exprimés à la surface des CPAgs (Manca *et al.*, J. Exp. Med., 1991, 173, 37-48; Rouas-Freiss *et al.*, Eur. J. Immunol., 1993, 23, 3335-3344 ; Manca *et al.*, J. Immunol., 1988, 140, 2393-2398 ; Exposito *et al.*, J. Immunol., 1995, 155, 1725-1736). De plus, il a été montré que des complexes immuns liés aux RFcγ sur les cellules dendritiques sont présentés par les molécules du CMH classe I à la surface de ces cellules (Regnault *et al.*, J. Exp. Med., 1999, 189, 371-380). Cependant, les approches ciblées sur les RFcγ pourraient procurer des effets relativement limités en raison de l'expression des RFcγ à la surface de cellules non spécialisées dans la présentation des Ags et parce que le récepteur Fcγ1 présente une isoforme qui inhibe la présentation des complexes immuns (Amigorena *et al.*, Science, 1992, 256, 1808-1812).

D'autres ligands spécifiques de CPAgs on également été décrits. On peut citer notamment une famille d'exoprotéines de *Staphylococcus aureus* présentant une homologie avec des superantigènes (protéines SSLs pour Staphylococcal *Superantigen-Like exoproteins* ; Demande Internationale PCT WO 2005/092918), les protéines et fragments de protéines qui lient les Ig comme la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son dérivé ZZ (Lobeck *et al.*, Inf. Immunity, 1998, 66, 418-

423 ; Léonetti *et al.*, J ; Immunol., 1998, 160, 3820-3827), une séquence de ciblage dérivée de la protéine gp96 qui lie CD91 (Demande Internationale WO 03/084467), des Ac monoclonaux recombinants humains liant les cellules dendritiques sélectionnés à partir d'une banque de phages (Demande US 2005/0037001), des  
5 particules (fantômes de globules rouges de type O) comprenant un antigène et de l'ATP, recouvertes d'un ligand de CPAs (IgG, composant C3b ou Cbi du complément, anhydride maléique, lipide oxydé, sucre ou polyanion ; Demande Internationale PCT WO 02/20042), des peptides agoniste de C5a ou analogue de l'interféron-gamma (Demande US 2007/0031445).

10 La surface des cellules est recouverte de glycolipides et de glycoprotéines (glycocalyx) telles que les protéoglycanes, des glycoprotéines comprenant une ou plusieurs chaînes de glycosaminoglycanes (GAG) non-ramifiées. Les protéoglycanes peuvent être soit transportés à l'extérieur de la cellule par exocytose, s'intégrant alors à la matrice-extracellulaire, sous forme de chondroïtine-sulfate,  
15 kératane-sulfate, héparane-sulfate, dermatane-sulfate, soit entrer dans la constitution de la membrane plasmique ou du glycocalyx, jouant alors un rôle dans les relations cellule-matrice. Les héparanes sulfate protéoglycanes sont des molécules ubiquitaires présentes à la surface des cellules de mammifères et dans les matrices extracellulaires (Dreyfuss *et al.*, Annuals of the Brazilian Academy of Sciences, 2009, 81, 409-429).  
20 Ces molécules jouent un rôle central dans de nombreux processus biologiques (prolifération cellulaire, adhésion cellulaire, inflammation, coagulation, pénétration cellulaire de microorganismes pathogènes, en particulier des virus et des parasites). Leurs propriétés sont principalement médiées via la partie saccharidique : l'héparane sulfate.

D'une manière générale, le ciblage de molécules qui ne sont pas  
25 exprimées sélectivement à la surface des CPAs n'est pas considéré comme une voie particulièrement efficace car « *in vivo* » elle entraîne une dissémination de l'Ag sur un grand nombre de cellules non spécialisées dans l'induction de la réponse immunitaire ce qui conduit à une diminution de la quantité d'Ag disponible pour les CPAs. Ce ciblage non-spécifique est considéré comme un inconvénient que l'on cherche à  
30 supprimer pour les applications de vaccination *in vivo*.

Par exemple, les vecteurs lentiviraux recombinants pseudotypés avec la glycoprotéine d'enveloppe du virus Sindbis (SVG), qui ciblent la molécule de

surface des DCs, DC-SIGN, sont utilisés en vaccination. Toutefois, de tels vecteurs ne permettent pas un ciblage sélectif des DCs du fait que la protéine SVG lie les héparanes sulfates (HS), des molécules de surface ubiquitaires, exprimées sur de nombreux types de cellules de mammifères. Aussi, pour améliorer le ciblage de ces vecteurs-vaccin, la protéine SVG a été mutée pour qu'elle perde sa capacité de liaison des HS (Yang *et al.*, Nat. Biotechnol., 2008, 26, 326-334).

Une approche alternative pour délivrer un antigène dans les CPAgs consiste à lier l'antigène (couplage chimique covalent ou protéine de fusion) à un peptide de pénétration cellulaire (CPP pour *Cell Penetrating Peptides* ; Brooks *et al.*, Biochimica et Biophysica Acta, 2009). Ces peptides naturels ou synthétiques sont, soit des peptides cationiques (riches en lysines et/ou arginines) tels que les peptides dérivés de la région basique de la protéine Tat du VIH (Tat 49-57 : RKKRRQRRR (SEQ ID NO : 1)) et les peptides polyarginines (R7 à R11), soit des peptides basiques/amphiphiles tels que les peptides dérivés de l'homéodomaine de la protéine Antennapedia (pénétratine ; fragment 43-58: RQIKIWFQNRRMKWKK (SEQ ID NO : 2)). Ces peptides sont capables d'être transloqués au travers de la membrane plasmique des cellules, par des mécanismes d'action impliquant ou non l'endocytose médiée par un récepteur glycosaminoglycane (GAG), notamment les héparanes sulfates et les chondroïtines sulfates (Futaki *et al.*, Biopolymers, 6 décembre 2005). Les CPP initialement utilisés pour améliorer la présentation d'Ags exogènes (vaccin) par les CMH I (présentation croisée) et induire une réponse T cytotoxique (Demande Internationale PCT WO 00/35949), sont également capables d'améliorer la présentation des Ags exogènes par les CMH II et de stimuler des lymphocytes T CD4+ (Schutze-Redelmeier *et al.*, J. Immunol., 1996, 157, 650-655 ; Mitsui *et al.*, Journal of Investigative Dermatology, 2006, 126, 1805-1812 ; Wang *et al.*, Immunology Letters, 2009).

Toutefois, du fait de l'expression ubiquitaire des GAGs, il n'est pas possible de cibler spécifiquement des CPAgs. C'est pourquoi, l'utilisation de CPP comme vaccin est considérée comme une approche valable, uniquement pour la vaccination « *ex vivo* » (Tacken *et al.*, J. Immunol., 2008, 180, 7687-7696). La première étape réalisée « *ex vivo* » consiste en l'isolement de cellules dendritiques du patient puis le chargement en peptides de ces cellules. La seconde étape réalisée « *in*

*vivo* » consiste à injecter les CPAGs chargées avec l'Ag afin de vacciner. Cette approche en deux étapes, qui s'avère relativement efficace pour déclencher des réponses immunitaires protectrices, reste cependant lourde à mettre en place et inadaptée à la vaccination de masse.

5 L'ensemble de ces observations indique que l'amélioration de la vaccination contre les maladies infectieuses ou les cancers nécessite d'augmenter la réponse immune induite par les candidats vaccins ou par les vaccins existants. Le ciblage des antigènes vers les CPAGs, qui représente une voie de choix pour atteindre cet objectif, devrait cependant être encore optimisé pour être rendu encore plus effi-  
10 cace. Le développement d'approches ciblées optimisées pourrait permettre : l'induction d'effets protecteurs plus importants permettant d'améliorer l'efficacité vaccinale, de limiter le nombre de rappels à effectuer, de diminuer les doses injectées et de se passer d'adjuvant.

Bien que les glycosaminoglycanes de la surface cellulaire tels que  
15 les héparanes sulfates (HS) ne semblent pas être des cibles particulièrement adéquates pour permettre l'accroissement d'une réponse immunitaire spécifique, les inventeurs ont découvert que leur ciblage peut permettre une augmentation significative, voire même avoir un effet synergique, sur la réponse immunitaire spécifique d'immunogènes qui sont associés à un ligand capable de cibler sélectivement les  
20 CPAGs. Pour évaluer cet aspect, les inventeurs ont utilisé deux constructions différentes qui contiennent chacune un Ag, un ligand des HS et un ligand d'un récepteur de CPAG. Pour ces deux types de constructions, les inventeurs ont observé que la présence du double ciblage procure une synergie d'effet et permet ainsi une augmentation de la réponse immunitaire qui est mesurée à l'aide d'un test « *in vitro* »  
25 de stimulation de cellules T spécifiques de chacun des deux Ags étudiés. L'analyse par cytométrie de flux a permis aux inventeurs d'observer que les deux constructions se lient de façon privilégiée et accrue aux CPAGs. Ces observations indiquent donc que l'association d'un ligand de récepteur spécifique et d'un ligand de molécule ubiquitaire, tels que les HS, permet d'accroître la réponse immunitaire spécifique  
30 d'Ags. Il n'était pas évident que la combinaison du ciblage des HS et de protéines de surface spécifiques des CPAGs puisse augmenter et encore moins qu'elle puisse produire une synergie d'effet sur la réponse immunitaire spécifique de l'antigène (la

présentation de l'antigène est augmentée d'un facteur 700 dans le cas de la toxine alpha). Cette synergie d'effet était d'autant moins évidente en raison de l'expression ubiquitaire des HS. En effet, les composés double-ciblés auraient pu être répartis sur des CPAgs ainsi que sur d'autres cellules incapables de présenter l'Ag ce qui aurait pu  
5 conduire à une diminution de la réponse par rapport à des composés ciblés uniquement sur des protéines de CPAg. Ce système de ciblage multiple permet d'augmenter l'immunogénicité obtenue par simple ciblage.

En conséquence, la présente invention a pour objet un complexe moléculaire, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un antigène associé à au moins  
10 deux ligands de molécules de surface de cellules présentatrices d'antigène, ledit complexe comprenant au moins un premier ligand d'un sucre sulfaté de la famille des glycosaminoglycanes et un second ligand d'une molécule de surface spécifique des cellules présentatrices d'antigène, et ledit premier ligand étant lié de façon covalente audit antigène et/ou audit second ligand.

#### 15 **Définitions**

- On entend par « antigène » toute substance pouvant être reconnue spécifiquement par le système immunitaire et en particulier par les anticorps et les cellules du système immunitaire (lymphocytes B, lymphocytes T CD4+, lymphocytes T CD8+).

20 - On entend par « réponse immunitaire spécifique d'un antigène », la production d'anticorps, et/ou l'induction d'une réponse T auxiliaire (activation de lymphocytes T CD4+), et/ou T cytotoxique (activation de lymphocytes T CD8+) spécifiques dudit antigène. Cette réponse peut notamment être mesurée, *in vitro*, par un test de stimulation de lymphocytes T CD4+ ou T CD8+ spécifiques de l'antigène.  
25 Dans ce test, les lymphocytes T spécifiques sont incubés en présence de cellules présentatrices d'antigène autologues vivantes et de l'antigène.

- On entend par « immunogénicité » d'un antigène sa capacité à induire une réponse immunitaire spécifique.

30 - On entend par « cellule présentatrice d'antigène(s) », cellule présentatrice de l'antigène, CPA, CPAg ou APC pour *Antigen Presenting Cell*, une cellule exprimant une ou plusieurs molécules du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) de classe I et de classe II (molécules HLA de classe I et

de classe II chez l'homme) et capable de présenter les antigènes aux lymphocytes T CD4+ et T CD8+ spécifiques de cet antigène. Comme cellules présentatrices d'antigène, on peut citer notamment les cellules dendritiques (CD ou DC pour *Dendritic Cell*), les cellules mononuclées du sang périphérique (PBMC), les monocytes, les macrophages, les lymphocytes B, les lignées lymphoblastoïdes, et les lignées de cellules humaines ou animales génétiquement modifiées exprimant des molécules du CMH de classe I et de classe II, notamment des molécules HLA I et HLA II.

5  
10 - On entend par « molécule de surface de cellules présentatrices d'antigène », une molécule exprimée à la surface de cellules présentatrices d'antigène.

- On entend par « molécule de surface spécifique des cellules présentatrices d'antigène », une molécule possédant une spécificité d'expression élevée pour les CPAgs, à savoir une molécule de surface exprimée sur un nombre très limité de cellules autres que les CPAgs, c'est-à dire une molécule de surface exprimée  
15 essentiellement sur les cellules présentatrices d'antigène .

- On entend par « apprêtement de l'antigène » ou « processing de l'antigène », les transformations que subit l'Ag et qui lui permettent de passer d'une forme incapable de se lier aux molécules du CMH à une forme capable de se lier. Ces étapes de préparation de l'antigène par les CPAgs vivantes, aboutissent donc à la  
20 formation de complexes peptide/molécule du CMH I ou peptide/molécule du CMH II. Les complexes sont ensuite exprimés à la surface des CPAgs. Pour être apprêté, généralement, l'Ag doit tout d'abord être endocyté ou phagocyté par des CPAgs. L'apprêtement se déroule ensuite principalement dans les vésicules d'endocytose et dans le cytoplasme des CPAgs. Dans ces compartiments, l'Ag subit une dégradation  
25 protéolytique et/ou une dénaturation liée au pH ou à des oxydoréductases, s'en suivent le chargement des peptides sur les molécules du CMH de classe I et de classe II et le transport des complexes peptide/CMH à la surface des CPAgs.

- On entend par « récepteur d'endocytose », un récepteur capable de médier l'endocytose d'un ligand de ce récepteur.

30 - On entend par glycosaminoglycane (GAG) un polysaccharide linéaire composé de la répétition d'un diholoside contenant toujours une hexosamine (glucosamine (GlcN) ou galactosamine (GalN)) et un autre ose (acide glucuronique

(GlcA), acide iduronique (IdoA), galactose (Gal)). La glucosamine est soit N-sulfatée (GlcNS), soit N-acétylée (GlcNac). La galactosamine est toujours N-acétylée (GalNac). Les glycosaminoglycanes sulfatés sont notamment des polymères simples de GlcA tel que le chondroïtine sulfate et des copolymères comprenant à la fois des  
5 résidus de GlcA et/ou d'IdoA et/ou de Gal, tels que l'héparine, l'héparane sulfate, le dermatane sulfate, et le kératane sulfate. Les chaînes de GAG peuvent être liées de façon covalente à des protéines (protéoglycanes) qui sont exprimées à la surface des cellules de mammifères et/ou sécrétées dans le milieu extracellulaire.

- On entend par anticorps, une immunoglobuline (IgG, IgM, IgA, IgD, IgE). Le terme anticorps inclut un anticorps spécifique, c'est à dire un anticorps dirigé contre une molécule x particulière (anticorps anti-molécule x), et un anticorps non-spécifique. Un anticorps spécifique est notamment un anticorps dirigé contre un antigène (anticorps anti-antigène) ou une molécule de surface de CPAg (anticorps anti-molécule de surface de CPAg).  
10

- On entend par épitope, la séquence d'un antigène qui est reconnue par un anticorps (épitope B), un lymphocyte T CD4+ (épitope T CD4+) ou un lymphocyte T CD8+ (épitope T CD8+), spécifique de cet antigène. Il s'agit notamment d'un peptide (peptide épitope).  
15

Le complexe moléculaire selon l'invention comprend au moins : un antigène associé à au moins deux ligands de molécules de surface de CPAgs. Dans ce  
20 complexe, le premier ligand qui cible un GAG sulfaté est lié de façon covalente à l'antigène et/ou au deuxième ligand.

La liaison covalente est notamment générée par un couplage chimique covalent (formation d'un conjugué covalent) ou par la construction d'une  
25 protéine de fusion (fusion génétique).

Conformément à l'invention, les ligands sont des ligands hétérologues, c'est-à-dire que l'antigène et les ligands sont issus de trois molécules initiales différentes ou lorsque l'antigène et l'un des ligands ou les deux ligands sont issus de la même molécule initiale, la protéine de fusion selon l'invention a une séquence qui  
30 est différente de celle la molécule initiale. La protéine de fusion selon l'invention comprend au moins une mutation (insertion, délétion, substitution) par rapport à la séquence de la molécule initiale.

Le complexe moléculaire selon l'invention peut être un complexe entièrement covalent dans lequel le premier ligand, le second ligand et l'antigène sont liés, soit uniquement par des couplages chimiques covalents ou des fusions génétiques, soit par un mélange des deux, l'une des liaisons étant générée par fusion  
5 génétique et l'autre par un couplage chimique covalent. Par exemple, le premier et le deuxième ligands sont liés de façon covalente (L1-L2) et l'antigène est lié de façon covalente, soit à L1, soit à L2. Il s'agit notamment d'un conjugué covalent Ag-L1-L2 ou L1-L2-Ag ou d'une protéine de fusion Ag-L1-L2, L2-L1-Ag, L1-L2-Ag ou Ag-L2-L1. Alternativement, le premier ligand est lié de façon covalente à l'antigène et le  
10 deuxième ligand est lié de façon covalente, soit à L1, soit à l'Ag. Il s'agit notamment d'un conjugué covalent L1-Ag-L2-ou L2-L1-Ag ou d'une protéine de fusion L1-Ag-L2, L2-Ag-L1, L2-L1-Ag ou Ag-L1-L2.

Le complexe moléculaire selon l'invention peut être aussi un complexe mixte dans lequel la liaison de l'antigène à L1-L2 (conjugué covalent L1-L2  
15 ou protéine de fusion L1-L2 ou L2-L1) ou la liaison du deuxième ligand à L1-Ag (conjugué covalent L1-Ag ou protéine de fusion L1-Ag ou Ag-L1) est non-covalente. La liaison non-covalente est obtenue par tout moyen connu de l'Homme du métier. Elle peut notamment être obtenue en utilisant une molécule (élément de liaison), notamment un peptide, possédant une affinité élevée et spécifique pour L1, L2 ou  
20 l'Ag. Cet élément de liaison est lié de façon covalente à l'antigène (Ag), au deuxième ligand (L2), à L1-L2 ou à L1-Ag, pour associer de façon non-covalente, l'antigène à L1-L2 ou le deuxième ligand à L1-Ag. L'affinité de l'élément de liaison pour son partenaire, dans le complexe L1-L2/Ag-élément de liaison ou L1-Ag/L2-élément de  
25 liaison, est suffisante pour qu'il ne se dissocie pas immédiatement de ce complexe *in vivo*. Lorsque l'un des ligands est un anticorps, l'élément de liaison est notamment une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des immunoglobulines, tels que décrits dans la Demande FR 2759296. De tels éléments de liaison aux immunoglobulines incluent notamment la protéine A de *S. aureus*, son fragment  
30 BB (SEQ ID NO : 4) et son dérivé ZZ (SEQ ID NO : 3), les deux premières protéines liant les régions Fc et le Fab des immunoglobulines alors que ZZ ne lie que la région Fc. Par exemple, lorsque L2 est un anticorps, l'élément de liaison aux immuno-

globulines est lié de façon covalente (couplage chimique covalent ou protéine de fusion), soit à l'antigène, soit à L1 lié de façon covalente à l'antigène (L1-Ag).

L'antigène est éventuellement associé, de façon covalente ou non covalente, à d'autres ligands de molécules de surface de CPAGs, notamment à des  
5 ligands qui ciblent les mêmes molécules que le premier ou le deuxième ligand ou bien une ou plusieurs molécules différentes des molécules précédentes.

Le complexe moléculaire selon l'invention se lie au moins à un GAG sulfaté et à une molécule de surface exprimée essentiellement sur les CPAGs, puis le complexe est internalisé par les CPAGs et l'antigène est apprêté par les CPAGs  
10 pour être présenté par les molécules du CMH (classe I et/ou classe II) à la surface des CPAGs. L'antigène associé séparément à chacun des ligands se lie à son récepteur de surface exprimé sur les CPAGs (simple ciblage des CPAGs). De préférence, l'un au moins des complexes antigène/premier ligand et antigène/second ligand, formé séparément, de manière préférée le complexe antigène/second ligand, est internalisé par les  
15 CPAGs et l'antigène est apprêté par les CPAGs pour être présenté par les molécules du CMH (classe I et/ou classe II) à la surface des CPAGs. De manière encore plus préférée, chacun des complexes ainsi formé séparément (antigène/premier ligand et antigène/second ligand), est internalisé par les CPAGs et l'antigène est apprêté par les CPAGs pour être présenté par les molécules du CMH (classe I et/ou classe II) à la  
20 surface des CPAGs.

L'apprêtement de l'antigène (libre ou complexé à l'un des deux ligands ou aux deux) par les CPAGs et sa présentation par les molécules du CMH (classe I et/ou classe II) à la surface des CPAGs peuvent être mesurés *in vitro*, par un test de stimulation de lymphocytes T CD4+ ou T CD8+ spécifiques de l'antigène en  
25 présence de cellules présentatrices d'antigène autologues vivantes préalablement mises en contact avec ledit antigène (libre ou complexé à l'un des deux ligands ou aux deux). La capacité T stimulante de l'antigène libre ou complexé à l'un des deux ligands ou aux deux peut ainsi être mesurée et comparée. La capacité T stimulante de l'antigène est significativement augmentée avec le complexe selon l'invention, par  
30 rapport à l'antigène libre ou l'antigène associé à un seul des ligands.

L'antigène est de préférence un antigène vaccinal tel qu'un antigène spécifique d'un agent pathogène (virus (VIH, Influenza,..), bactérie, parasite,

champignon,..) ou d'une tumeur. Il s'agit d'un antigène naturel, recombinant ou synthétique, notamment d'un agent pathogène atténué ou inactivé (virus, bactérie) de particules virales synthétiques, d'une molécule isolée (protéine, polysaccharide, lipide, lipoprotéine, glycoprotéine ou lipopolysaccharide) ou de fragments de molécules  
5 comprenant un ou plusieurs épitopes B, T CD4+, T CD8+, notamment sous forme de peptides ou de polypeptides comprenant des épitopes issus d'un seul antigène ou de plusieurs antigènes différents (fragment polyépitopique).

Le sucre sulfaté de la famille des glycosaminoglycanes exprimé à la surface des CPAs (GAG sulfaté) qui est ciblé par le premier ligand est de préférence  
10 un héparane sulfate, un chondroïtine sulfate, un dermatane sulfate, ou un kératane sulfate.

Le premier ligand est issu d'une cellule de mammifère ou d'un microorganisme pathogène, notamment un virus (Adénovirus, Cytomégalovirus, VIH, Virus Sindbis), une bactérie (*Mycobacterium bovis*, *Bordetella pertussis*), un parasite  
15 (*Leishmania sp.*) ou une toxine, il s'agit en particulier d'un complexe moléculaire, d'une molécule ou un de ses fragments qui lie l'héparine, les héparanes sulfates et/ou les chondroïtines sulfates et qui de préférence utilise les protéoglycanes à GAG sulfaté comme récepteur d'endocytose. De tels ligands sont notamment décrits dans  
20 « *Heparan Binding Proteins* », H. Edward Conrad, Academic Press, San Diego and London et Dreyfuss *et al.*, Annuals of the Brazilian Academy of Sciences, 2009, 81, 409-429 (voir notamment le Tableau II). Des exemples de ces ligands incluent de façon non-limitative : la protéine Tat du VIH et ses fragments, en particulier les fragments comprenant uniquement la région basique de Tat (Tat 49-57 : RKKRRQRRR : SEQ ID NO : 1) ou la région basique et la région centrale de Tat (cette région centrale ou  
25 core consiste en Tat 38-48 : FTKKGLGISYG : SEQ ID NO : 5) ; les dodécaèdres dérivés du penton de l'Adénovirus (Vivès *et al.*, *Virology*, 2004, 321 : 332-340) ; la protéine d'enveloppe du VIH ou la région V3 de cette protéine (Roderiquez *et al.*, *J. Virol.*, 1995, 69, 2233-), la glycoprotéine d'enveloppe du virus Sindbis (Byrnes, A.P. et Griffin, D.E., *J. Virol.*, 1998, 2, 7349-7356) et le domaine R de la toxine  
30 diphtérique (fragment 382 à 535 (SEQ ID NO : 6) ; Lobeck *et al.*, *Infection and Immunity*, 1998, 66, 418-423). On peut citer également les peptides de pénétration cellulaire (*CPP pour Cell Penetrating Peptide*) qui lient l'héparine, les héparanes

sulfates et/ou les chondroïtines sulfates tels que les peptides très riches en résidus basiques, en particulier en arginines qui incluent les peptides dérivés de la région basique de la protéine Tat du VIH (Tat 49-57), précités, et les peptides polyarginines (R7 à R11), ainsi que les peptides basiques/amphiphiles tels que les peptides dérivés de l'homéodomaine de la protéine Antennapedia (pénétratine ; fragment 43-58; RQIKIWFQNRRMKWKK (SEQ ID NO : 2)).

Alternativement, le premier ligand est un anticorps naturel ou recombinant dirigé contre un GAG sulfaté, de préférence l'héparine, les héparanes sulfates ou les chondroïtines sulfates ou un fragment de cet anticorps contenant au moins le paratope (domaine de liaison à l'antigène) tel qu'un fragment Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, Fv ou Fv simple chaîne (scFv pour *single-chain Fv*), Fabc, et fragment Fab comprenant une portion du domaine Fc. De tel anticorps sont notamment décrits dans Thompson *et al.*, J. Biol. Chem., 2009, 284, 35621-35631 et van Kuppevelt *et al.*, J. Biol. Chem., 1998, 273, 12960-12966. De préférence, ledit anticorps ou fragment d'anticorps est humain ou humanisé.

Selon un mode de réalisation avantageux du complexe moléculaire selon l'invention, le ligand du glycosaminoglycane sulfaté exprimé à la surface des CPAGs est un peptide sélectionné dans le groupe constitué par : un fragment de la protéine Tat du VIH, comprenant au moins la région basique (Tat 49-57) tel que les peptides Tat 49-57 (SEQ ID NO: 1) et Tat 37-57 (CFTKKGLGISYGRKKRRQRRR : SEQ ID NO : 7), un peptide polyarginine R7 à R11, et un peptide comprenant le domaine R de la toxine diphtérique (fragment 382 à 535 : SEQ ID NO : 6).

La molécule exprimée à la surface des CPAGs qui est ciblée par le deuxième ligand et éventuellement les autres ligands (troisième,..) est une molécule de surface exprimée essentiellement sur les CPAGs et en particulier sur les cellules dendritiques. De préférence, ladite molécule de surface des CPAGs est un récepteur d'endocytose. Parmi ces molécules de surface, on peut citer notamment : les molécules du CMH (classe I et II), les immunoglobulines de surface, des intégrines (CD11c, MAC1), les récepteurs de la transferrine, les récepteurs des lectines de type C (récepteur du mannose (CD206), DEC-205(CD205), DC-SIGN (CD209), LOX1, Dectin-1 (récepteur du bêta-glucane), Dectin-2, Clec9A, Clec12A, DCIR2, FIRE, CIRE), les récepteurs pour la région constante des immunoglobulines (FcR et notam-

ment Fc $\gamma$ R : Fc $\gamma$ RI (CD64), Fc $\gamma$ RII (CD32), Fc $\gamma$ RIII (CD16)), la superfamille des récepteurs du TNF (CD40) et les récepteurs du complément.

Selon un autre mode de réalisation avantageux du complexe moléculaire selon l'invention, la molécule exprimée à la surface des CPAGs qui est  
5 ciblée par le deuxième ligand et éventuellement les autres ligands est sélectionnée dans le groupe constitué par : les molécules du CMH de classe II, les récepteurs des lectines de type C, les immunoglobulines et les récepteurs pour la région constante des immunoglobulines (RFc ou FcR).

Le deuxième ligand et éventuellement les autres ligands sont  
10 notamment des ligands naturels de ces molécules de surface des CPAGs, notamment des saccharides qui lient les récepteurs des lectines de type C, des immunoglobulines et leurs fragments comprenant la région constante qui lient les FcR, des protéines ou des fragments de protéines qui lient la région Fc et/ou ou Fab des immunoglobulines, tels que décrits dans la Demande FR 2759296 (immunoglobuline de surface), des  
15 protéines d'enveloppe de virus (VIH, virus de la dengue, virus sindbis,...) qui utilisent ces molécules de surface des CPAGs comme récepteur d'endocytose. Alternativement, le deuxième ligand et éventuellement les autres ligands sont des anticorps naturels ou recombinants dirigés contre ces molécules de surface des CPAGs ou des fragments de ces anticorps contenant au moins le paratope (domaine de liaison à l'antigène), tels  
20 que les fragments Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, Fv ou Fv simple chaîne (scFv pour *single-chain Fv*), Fabc, et fragment Fab comprenant une portion du domaine Fc. De préférence, ledit anticorps ou fragment d'anticorps est humain ou humanisé.

Selon une disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend : (i) un antigène lié de façon covalente  
25 à un peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand) (ii) un anticorps dirigé contre ledit antigène, de préférence une IgG (deuxième ligand), et éventuellement une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *Staphylococcus aureus*.

Selon une autre disposition avantageuse des modes de réalisation  
30 précédents, le complexe selon l'invention comprend : (i) un antigène, (ii) un anticorps spécifique dudit antigène, de préférence une IgG, ou un fragment dudit anticorps comprenant au moins la région Fc (deuxième ligand), lié de façon covalente à un

peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand), et éventuellement une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *Staphylococcus aureus*. De préférence, l'anticorps est une immunoglobuline complète et le complexe comprend également une protéine ou un  
5 fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *Staphylococcus aureus*.

Selon une autre disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab et/ou Fc des  
10 anticorps, de préférence uniquement la région Fab, tel que la protéine A de *S. aureus* et son fragment BB (élément de liaison), (ii) un anticorps (non-spécifique ou spécifique dudit antigène), de préférence une IgG, ou un fragment dudit anticorps comprenant au moins la région Fc (deuxième ligand), lié de façon covalente à un peptide  
15 ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand), et éventuellement une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *Staphylococcus aureus*, lorsque l'antigène n'est pas déjà lié à celle-ci. De préférence, l'anticorps est une immunoglobuline complète et l'antigène est lié de façon covalente à une protéine ou un fragment de protéine qui lie uniquement la  
région Fab des anticorps, tel que la protéine A de *S. aureus* et son fragment BB.

20 Selon une autre disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à un peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand), et à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps, de préférence uniquement la région Fab, tel que la protéine A de  
25 *Staphylococcus aureus* et son fragment BB (élément de liaison), (ii) un anticorps (non-spécifique ou spécifique dudit antigène), de préférence une IgG, ou un fragment dudit anticorps comprenant au moins la région Fc (deuxième ligand), et éventuellement une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *S. aureus*, lorsque l'antigène n'est pas déjà lié à  
30 celle-ci. De préférence, l'anticorps est une immunoglobuline complète et l'antigène est lié de façon covalente à une protéine ou un fragment de protéine qui lie uniquement la région Fab des anticorps, tel que la protéine A de *S. aureus* et son fragment BB.

Selon une autre disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend un antigène lié de façon covalente à un peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand) et à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des immunoglobulines tel que le fragment BB de la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son dérivé ZZ (deuxième ligand).

Selon une autre disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend un antigène lié de façon covalente à un peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand) et à un anticorps sélectionné dans le groupe constitué par un anticorps anti-CMH de classe II, un anticorps anti-RFcgamma (I, II, et/ou III) et un anticorps anti-DEC-205, ou bien à un fragment des anticorps précédents comprenant au moins le paratope tel que par exemple, un fragment Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, Fv, scFv, Fabc ou Fab comprenant une portion de la région Fc (deuxième ligand).

Selon encore une autre disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à un peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand) et à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des immunoglobulines tel que le fragment BB de la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son dérivé ZZ (élément de liaison), et (ii) un anticorps sélectionné dans le groupe constitué par un anticorps anti-CMH de classe II, un anticorps anti-RFcgamma (I, II et/ou III), et un anticorps anti-DEC-205, ou un fragment des anticorps précédents comprenant au moins le paratope, notamment un fragment Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, Fv, scFv, Fabc ou Fab comprenant une portion de la région Fc (deuxième ligand).

Selon encore une autre disposition avantageuse des modes de réalisation précédents, le complexe selon l'invention comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des immunoglobulines tel que le fragment BB de la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son dérivé ZZ (élément de liaison), et (ii) un anticorps sélectionné dans le groupe constitué par un anticorps anti-CMH de classe II, un anticorps anti-RFcgamma (I, II et/ou III) et un anticorps anti-DEC-205, ou un fragment des anticorps précédents comprenant au moins le paratope, notamment un fragment Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, Fv,

scFv ou Fab comprenant une portion de la région Fc (deuxième ligand), lié de façon covalente à un peptide ligand de GAG sulfaté tel que défini ci-dessus (premier ligand).

L'Homme du métier a bien connaissance des spécificités d'espèce des biomolécules et notamment des protéines. Par conséquent, l'homme du métier  
5 reconnaîtra aisément l'avantage de cibler les molécules de surface de la même espèce que l'espèce à immuniser et d'utiliser des ligands de la même espèce que l'espèce à immuniser ou dont la séquence a été adaptée à cette espèce. Par exemple, pour préparer un vaccin humain, il est préférable d'utiliser des anticorps humains ou humanisés dirigés contre une molécule de surface humaine.

10 La présente invention a également pour objet un polynucléotide, une construction polynucléotidique, isolés ou bien un mélange de polynucléotides ou de constructions polynucléotidiques, sélectionnés dans le groupe constitué par :

a) un polynucléotide isolé comprenant une séquence codant pour une protéine de fusion comprenant au moins les séquences codantes de l'antigène, du  
15 premier et du second ligand, fusionnées en phase de façon appropriée,

b) un mélange de polynucléotides comprenant au moins un premier polynucléotide comprenant une séquence codant pour une protéine de fusion comprenant au moins les séquences codantes de l'antigène et du premier ligand fusionnées en phase de façon appropriée et un second polynucléotide comprenant une séquence  
20 codant pour le deuxième ligand, ledit premier ou second nucléotide comprenant également une séquence codant pour un élément de liaison tel que défini ci-dessus,

c) un mélange de polynucléotides comprenant un premier polynucléotide comprenant une séquence codant pour une protéine de fusion comprenant au moins les séquences codantes du premier et du second ligand, fusionnées en phase  
25 de façon appropriée et un second polynucléotide comprenant une séquence codant pour l'antigène, ledit premier ou second nucléotide comprenant également une séquence codant pour un élément de liaison tel que défini ci-dessus,

d) une construction polynucléotide isolée ou un mélange de constructions polynucléotidiques comprenant au moins le polynucléotide tel que  
30 défini en a) ou les deux polynucléotides tels que définis en b) ou c), liés de façon opérationnelle à des séquences régulatrices de la transcription et/ou de la traduction appropriées (promoteur, activateur de transcription, terminateur de transcription,

signal de polyadénylation) pour l'expression du premier ligand, de l'antigène et/ou du second ligand dans des cellules hôtes.

Les polynucléotides selon l'invention codent pour des antigènes ou des ligands qui sont des protéines des peptides ou éventuellement des glyco-ou lipopeptides ou protéines.

La présente invention a également pour objet un vecteur recombinant isolé ou un mélange de vecteurs recombinants comprenant les séquences codant pour l'antigène, le premier et le second ligand, insérées dans un polynucléotide ou une construction polynucléotidique isolée, ou un mélange de polynucléotides ou de constructions polynucléotidiques, tels que définis ci-dessus.

Le mélange de vecteurs recombinants comprend au moins un premier vecteur comprenant le premier polynucléotide ou la construction polynucléotide dérivée tels que définis en b), c) et d) et un deuxième vecteur comprenant le deuxième polynucléotide ou la construction polynucléotide dérivée tels que définis en b), c) et d).

De nombreux vecteurs dans lesquels on peut insérer un polynucléotide d'intérêt afin de l'introduire et de le maintenir dans une cellule hôte eucaryote sont connus en eux-mêmes ; le choix d'un vecteur approprié dépend de l'utilisation envisagée pour ce vecteur (par exemple répllication de la séquence d'intérêt, expression de cette séquence, maintien de la séquence sous forme extrachromosomique ou bien intégration dans le matériel chromosomique de l'hôte), ainsi que de la nature de la cellule hôte. On peut utiliser entre autres, des vecteurs viraux (adénovirus, rétrovirus, lentivirus, AAV) et des vecteurs non-viraux (ADN-nu), notamment un plasmide, dans lesquels a été insérée préalablement la séquence d'intérêt.

De préférence, le ou lesdits vecteurs recombinants sont des vecteurs d'expression comprenant au moins une construction polynucléotidique telle que définie ci-dessus. Les vecteurs d'expression sont utiles pour la production du complexe selon l'invention dans des cellules hôtes appropriées ou comme vaccin.

De manière préférée, le vecteur recombinant selon l'invention est un plasmide d'expression, qui est utile, à la fois pour la production du complexe selon l'invention et comme vaccin à ADN nu.

La présente invention a également pour objet des cellules procaryotes ou eucaryotes transformées par un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus.

La présente invention a également pour objet une composition immunogène ou vaccinale comprenant au moins un complexe moléculaire tel que défini ci-dessus, un polynucléotide ou un mélange de polynucléotides comprenant les séquences codantes de l'antigène, du premier et du second ligand, de préférence insérées dans une ou plusieurs constructions polynucléotidiques ou plasmides d'expression, tels que définis ci-dessus, et un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

La composition vaccinale comprend une quantité de complexe(s), polynucléotide(s) et/ou vecteur(s) suffisante pour induire une réponse immunitaire spécifique d'un pathogène ou d'une tumeur capable de protéger contre l'infection par ce pathogène ou d'en atténuer les conséquences ou bien de réduire la croissance d'une tumeur, chez un individu vacciné avec cette composition.

Les véhicules pharmaceutiquement acceptables sont ceux classiquement utilisés.

La composition vaccinale comprend, éventuellement, également un adjuvant de l'immunité humorale et/ou cellulaire. Les adjuvants sont avantageusement choisis dans le groupe constitué par : des émulsions huileuses, des substances minérales, des extraits bactériens, la saponine, l'hydroxyde d'alumine, le monophosphoryl -lipide A, le squalène et les ligands de TLR, notamment les oligonucléotides comprenant au moins une séquence CpG qui sont des ligands de TLR9.

La composition vaccinale selon l'invention se présente sous une forme galénique adaptée à une administration par voie parentérale (sous-cutanée, intramusculaire, intraveineuse), entérale (orale, sublinguale) ou locale (rectale, vaginale).

Les polynucléotides isolés ou insérés dans un vecteur plasmidique sont introduits dans l'individu à vacciner, soit en utilisant des méthodes physiques telles que l'électroporation, soit en les associant à toute(s) substance(s) permettant le passage de la membrane plasmique, tels que des transporteurs comme les nano-transporteurs, des liposomes, des lipides ou des polymères cationiques. En outre, on

peut avantageusement combiner ces méthodes, par exemple en utilisant l'électroporation associée à des liposomes.

De préférence, ladite composition comprend également une substance porteuse. Les substances porteuses sont celles classiquement utilisées. Il s'agit notamment de liposomes unilamellaires ou multilamellaires, d'ISCOMS, de virosomes (*virus-like particles*), de micelles de saponine, de microsphères solides de nature saccharidique (poly(lactide-co-glycolide)) ou aurifère, et de nanoparticules.

La composition vaccinale peut comprendre plusieurs complexes moléculaires comprenant des antigènes et/ou des ligands différents ou bien au moins un autre antigène d'intérêt (non complexé à des ligands selon l'invention) ou un polynucléotide ou vecteur plasmidique codant ledit antigène, tels que définis ci-dessus. Le ou lesdits complexes sont éventuellement liés entre eux par des liaisons covalentes ou non-covalentes et/ou incorporés à l'intérieur ou à la surface d'une particule telle qu'un liposome ou un virosome.

La présente invention a également pour objet un complexe moléculaire, un polynucléotide isolé ou inséré dans une construction polynucléotidique ou un plasmide d'expression, selon l'invention, comme vaccin pour la prévention ou le traitement d'une maladie infectieuse ou d'un cancer.

Les complexes de ciblage de l'antigène selon l'invention sont préparés par les techniques classiques connues de l'Homme du métier, à savoir :

- l'antigène, et les ligands des molécules de surface des CPAgs peuvent être produits par synthèse chimique ou par expression d'un ADN recombinant dans un système cellulaire approprié, eucaryote ou procaryote. Les peptides et protéines peuvent être synthétisés en phase solide, selon la technique Fmoc, originellement décrite par Merrifield *et al.* (J. Am. Chem. Soc., 1964, 85, 2149-) et purifiés par chromatographie liquide haute performance en phase inverse. Les polypeptides et les protéines peuvent être produits à partir des ADNc correspondants, clonés dans un vecteur d'expression eucaryote ou procaryote approprié, les polypeptides ou protéines produits dans les cellules modifiées par le vecteur recombinant sont purifiés par tout moyen approprié, notamment par chromatographie d'affinité. Des anticorps dirigés contre des molécules de surface de CPAgs sont bien connus et disponibles commercialement. A titre d'exemple non-limitatif, les anticorps anti-CD205 (#555831) ; anti-

CD206 (#555952) ; anti-CD209 (#551186) ; anti-HLA-DR (#555556) sont disponibles chez BECTON-DICKINSON . Alternativement, des anticorps monoclonaux peuvent être produits par les techniques classiques connues de l'homme du métier. Par exemple, les anticorps monoclonaux sont produits à partir d'hybridomes obtenus par fusion de lymphocytes B d'un animal immunisé par la molécule de surface de CPAGs avec des myélomes, selon la technique de Köhler et Milstein (Nature, 1975, 256, 495-497) ; les hybridomes sont cultivés *in vitro*, notamment dans des fermenteurs ou produits *in vivo*, sous forme d'ascite ; alternativement lesdits anticorps monoclonaux sont produits par génie génétique comme décrit dans le brevet américain US 4,816,567. Les anticorps humanisés sont produits par des méthodes générales comme celles décrites dans la Demande Internationale WO 98/45332. Les fragments d'anticorps sont produits à partir des régions V<sub>H</sub> et V<sub>L</sub> clonées, à partir des ARNm d'hybridomes ou de lymphocytes spléniques d'un mammifère immunisé; par exemple, les fragments Fv, scFv ou Fab sont exprimés à la surface de phages filamenteux selon la technique de Winter et Milstein (Nature, 1991, 349, 293-299); après plusieurs étapes de sélection, les fragments d'anticorps spécifiques de l'antigène sont isolés et exprimés dans un système d'expression approprié, par les techniques classiques de clonage et d'expression d'ADN recombinant. Les anticorps ou leur fragments tels que définis ci-dessus, sont purifiés par les techniques classiques connues de l'Homme du métier, telles que la chromatographie d'affinité.

- l'association covalente du premier ligand (L1) à l'antigène (Ag) et/ou au deuxième ligand (L2) d'une molécule de surface des CPAGs peut-être réalisé par la construction d'une protéine de fusion dans laquelle les séquences nucléotidiques codant pour L1, l'Ag et/ou L2 sont fusionnées en phase, dans l'ordre approprié, soit directement, soit par l'intermédiaire d'une séquence nucléotidique codant pour un peptide de liaison (*peptide linker*) approprié.. En fonction des tailles respectives des séquences en acides aminés de L1, l'Ag et/ou L2, elles sont soit fusionnées au niveau de leurs extrémités (extrémité N-terminale de l'une des séquences fusionnée à l'extrémité C-terminale de l'autre séquence) ou l'une des séquences est insérée dans l'autre séquence à un site approprié qui n'a pas d'effet délétère sur l'immunogénicité de l'antigène et la liaison du ou des ligands à son récepteur exprimé à la surface des CPAGs. Alternativement, l'antigène et le(s) ligand(s) peuvent être couplés de façon

covalente, par tout moyen approprié. Le couplage est effectué par l'intermédiaire de groupements réactionnels initialement présents ou préalablement introduits sur l'antigène et le(s) ligand(s). Le couplage peut notamment être réalisé au niveau de résidus d'acides aminés dont la chaîne latérale comprend une fonction réactive. Parmi ces acides aminés, on peut citer les acides aminés polaires comprenant une fonction : -OH [sérine (S), thréonine (T) ou tyrosine (Y)], -SH [cystéine (C)], -NH<sub>2</sub> [lysine (K) ou arginine (R)], -COOH [acide aspartique (D) ou acide glutamique (E)], et les acides aminés polaires à chaîne latérale fonctionnalisée par addition d'une fonction réactive, notamment un chloro- ou bromo-acétyl réactif avec les groupements thiol ou un groupement hydrazine réactif avec les aldéhydes. L'antigène est couplé au ligand par tout moyen approprié ; ces moyens qui sont connus de l'Homme du métier incluent notamment le couplage à l'aide de réactifs homobifonctionnels comme le glutaraldéhyde ou le dithiobis-(succinimidyl propionate). De préférence, le couplage est réalisé à l'aide de réactifs hétérobifonctionnels, notamment le m-maleimidobenzoyl-N-hydroxysuccinimide (SMCC) ou le sulfo-SMCC qui contiennent chacun un groupement maléimide capable de réagir avec les thiols libres. Dans ce cas, le SMCC est préalablement lié de façon covalente à une fonction amine présente sur l'Ag ou le ligand. Dans le même temps, un autre réactif hétérobifonctionnel (comme le N-succinimidyl S-acetylthioacétate qui contient un groupement thio-ester clivable à l'hydroxylamine ou le succinimidyl-pyridyl-dithiopropionate, qui contient un pont disulfure réductible en conditions douce), est associé à une fonction amine du second partenaire qui est soit l'Ag soit un des ligands. Le second partenaire est ensuite traité à l'hydroxylamine ou avec un réducteur pour permettre la libération du thiol. Le composé thiolé est alors incubé avec le composé ayant incorporé le maléimide et le couplage est obtenu par réaction du groupement thiol sur le groupement maléimide. Ce type de couplage covalent est notamment décrit dans Léonetti *et al.*, J. Exp. Med., 1999, 189, 1217-1228. Il est aussi possible de libérer un groupement thiol déjà présent sur un des composés pour ensuite réaliser son couplage à un autre composé qui a été préalablement modifié à l'aide de SMCC. Cette méthode, qui est souvent employée pour coupler des anticorps à des ligands, est notamment décrite dans Ishikawa *et al.*, J. Immunoassay, 1983, 4, 209-327.

- les complexes non-covalents sont préparés par mise en contact du deuxième ligand (L2) avec l'antigène lié de façon covalente au premier ligand (L1-Ag, l'ordre de L1 et de l'Ag étant indifférent lorsqu'il s'agit d'une protéine de fusion) ou de l'antigène avec le premier et le deuxième ligand liés de façon covalente (L1-L2, l'ordre de L1 et L2 étant indifférent lorsqu'il s'agit d'une protéine de fusion), dans des conditions permettant aux deux partenaires d'interagir. Cette interaction peut impliquer un élément de liaison, notamment une protéine ou un peptide, qui possède une affinité élevée et spécifique, pour l'un des partenaires du complexe (Ag, L1 ou L2). En particulier, l'affinité de l'élément de liaison pour ce partenaire, dans le complexe, est suffisante pour qu'il ne se dissocie pas immédiatement de ce complexe *in vivo*. Lorsque l'un des ligands est une immunoglobuline, l'élément de liaison est un élément de liaison aux immunoglobulines tel que décrit dans la Demande FR 2759296. Par exemple, un élément de liaison aux immunoglobulines est lié de façon covalente à l'antigène, de façon à former un complexe non-covalent avec L1-L2. Alternativement, un élément de liaison aux immunoglobulines est lié de façon covalente à l'antigène lié de façon covalente à L1 (L1-Ag), de façon à former un complexe non-covalent avec L2.

- les polynucléotides selon l'invention sont obtenus par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes, en suivant les protocoles standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA). Par exemple, ils peuvent être obtenus par amplification d'une séquence nucléique par PCR ou RT-PCR, par criblage de banques d'ADN génomique par hybridation avec une sonde homologue, ou bien par synthèse chimique totale ou partielle. Les vecteurs recombinants sont construits et introduits dans des cellules hôtes par les méthodes classiques d'ADN recombinant et de génie génétique, qui sont connues en elles-mêmes.

La mise en œuvre de l'invention utilise, sauf indication contraire, des méthodes classiques d'immunologie, de culture cellulaire, de biologie cellulaire, de biologie moléculaire et d'ADN recombinant qui sont connues de l'Homme du métier. Ces techniques sont décrites en détail dans la littérature, se référer par exemple à: *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and Sons Inc, Library of Congress, USA); *Current Protocols in Immunology* (John E.

Coligan *et al.*, 2008, Wiley and Sons Inc, Library of Congress, USA), *Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Third Edition*, (Sambrook et al, 2001, Cold Spring Harbor, New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press); *Culture Of Animal Cells* (R. I. Freshney, Alan R. Liss, Inc., 1987); *Immobilized Cells And Enzymes* (IRL Press, 5 1986); B. Perbal, *A Practical Guide To Molecular Cloning* (1984); the series, *Methods In ENZYMOLOGY* (J. Abelson and M. Simon, eds.-in-chief, Academic Press, Inc., New York), specifically, Vols.154 and 155 (Wu et al. eds.) and Vol. 185, "Gene Expression Technology" (D. Goeddel, ed.); *Gene Transfer Vectors For Mammalian Cells* (J. H. Miller and M. P. Calos eds., 1987, Cold Spring Harbor Laboratory); 10 *Immunochemical Methods In Cell And Molecular Biology* (Mayer and Walker, eds., Academic Press, London, 1987); *Handbook Of Experimental Immunology*, Volumes I-IV (D. M. Weir and C. C. Blackwell, eds., 1986). *Antibodies : A Laboratory Manual*, E. Howell and D Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988.

Par rapport aux complexes de ciblage de l'antigène de l'art antérieur 15 qui ciblent une molécule de surface spécifique des cellules présentatrices de l'antigène (simple ciblage), le complexe selon l'invention permet un double ciblage de l'antigène sur une molécule de surface ubiquitaire, un sucre polysulfaté de la famille des glyco-saminoglycanes, et sur une molécule de surface spécifique des cellules présentatrices de l'antigène. Le double ciblage de l'antigène sur les cellules présentatrices de 20 l'antigène avec le complexe de l'invention augmente significativement la réponse immunitaire spécifique de l'antigène par rapport au simple ciblage avec les complexes de l'art antérieur. En outre, pour certains au moins des ligands, le double-ciblage avec le complexe de l'invention produit un effet synergique sur la réponse immunitaire spécifique de l'antigène par rapport au simple ciblage avec les complexes de l'art 25 antérieur. Du fait de son immunogénicité accrue, le complexe de ciblage de l'antigène selon l'invention présente les avantages suivants par rapport aux complexes de l'art antérieur :

- il induit un effet protecteur plus important, permettant d'améliorer l'efficacité vaccinale.
- 30 - il permet de limiter le nombre d'administrations de rappel à effectuer.
- il permet de diminuer les doses injectées.

- il permet de s'affranchir de l'utilisation d'adjuvants de l'immunité.

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre complexe objet de la présente invention ainsi qu'aux  
5 dessins annexés, dans lesquels :

- la figure 1 illustre la liaison aux cellules de Tat101 et de quatre peptides dérivés de Tat. **A.** Séquence de Tat101, Tat101C(22-37)S et de trois peptides chevauchants. Les régions riche en cystéines (22-37), centrale (core : 38-48) et basique (49-57) sont soulignées. **B, C, D:** Liaison aux cellules de Tat101 et de quatre  
10 peptides dérivés de Tat. Des séries de dilutions des cinq peptides ont été incubées en présence de respectivement, des splénocytes (**B**), des cellules A20 de lymphome B, (**C**) et des cellules T1B2 d'hybridome T (**D**). Après 30 min d'incubation à 4 °C, un anticorps monoclonal anti-Tat couplé de façon covalente à la fluorescéine a été ajouté et la liaison des peptides aux cellules a été évaluée en cytométrie de flux (FACS). Des  
15 résultats similaires ont été obtenus dans deux expériences distinctes.

- la figure 2 illustre la liaison à différentes cellules présentatrices de l'antigène de la toxine alpha sous forme libre ou couplée au peptide 37-57 de Tat. **A.** Des splénocytes ont été incubés avec des séries de dilutions de la toxine alpha (alpha) ou alpha37-57, en présence ou en l'absence d'un excès d'héparine (3 µM). Après 30  
20 minutes d'incubation à 4 °C, un anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha a été ajouté. Ensuite, un fragment F(ab)'2 d'anticorps polyclonal de chèvre anti-IgG de lapin couplé à la fluorescéine a été ajouté pendant 30 minutes et la liaison de la toxine aux cellules a été analysée en FACS. **B.** Liaison aux cellules dendritiques (DCs), analysée selon le même protocole. **C.** Liaison aux cellules A20, analysée selon le même  
25 protocole. Des résultats similaires ont été obtenus dans aux moins deux expériences distinctes.

- la figure 3 montre que la capacité de la toxine alpha à stimuler les cellules T est augmentée quand elle est préalablement couplée au fragment 37-57 de Tat et que l'effet stimulant est altéré en présence d'un excès d'héparine ou de 37-57.  
30 Des splénocytes ( $5 \cdot 10^5$ /puits) ont été incubés avec des dilutions en série de toxine alpha, de toxine alpha plus peptide 37-57, ou d'alpha37-57, en présence ou en absence d'un excès (3 µM) de polysaccharides sulfatés (héparine, chondroïtine A, chondroïtine

B) (**A** et **D**). Après trois heures, les cellules T1B2 (**A**) ou T1C9 (**D**) ont été ajoutées et les mélanges ont été incubés pendant 24 heures. Le niveau de stimulation T qui se traduit par une sécrétion d'IL-2 a été évalué par un test de prolifération d'une lignée de CTL-IL-2-dépendante. Un protocole similaire a été utilisé pour examiner la présentation de l'antigène en présence ou en l'absence d'une quantité fixe (0,2  $\mu$ M) de peptide libre 37-57 (**B** et **E**). Une analyse supplémentaire de l'inhibition obtenue avec le peptide 37-57 est montrée en **C** et **F**. Dans ces expériences, les splénocytes ( $10^5$ /puits) ont été pré-incubés à 4 °C pendant 30 minutes en présence ou en l'absence de peptide 37-57. Alpha37-57 a ensuite été ajouté aux puits pendant une heure à 4 °C. Les plaques ont ensuite été lavées, et les cellules T1B2 (**C**) ou T1C9 (**F**) ont été ajoutées pendant 24 heures à 37 °C. Le niveau de stimulation T qui se traduit par une sécrétion d'IL-2 a été évalué par un test de prolifération d'une lignée de CTL-IL-2-dépendante. Les résultats sont exprimés en cpm (nombre de coups par minute). Des résultats similaires ont été observés dans au moins deux expériences distinctes.

15 - la figure 4 montre que l'effet stimulant nécessite l'apprêtement de l'antigène. Pour examiner la nécessité d'apprêtement, des splénocytes préalablement fixés ont été incubés pendant trois heures, soit avec une série de dilutions de la toxine alpha, alpha37-57 ou de peptide 32-49 avant l'addition de T1B2 (**A**) ou avec une série de dilutions de toxine alpha, alpha37-57, de peptide Ac24-36 ou de peptide Ac24-36-Tat37-57 avant l'addition de T1C9 (**B**). Pour comparer les capacités stimulantes d'Ac24-36 et Ac24-36-Tat37-57 en présence de CPAgs vivantes, les splénocytes ont été incubés pendant 3 heures, avec ces deux peptides, respectivement (**C**). T1C9 a été ajoutée et la stimulation des cellules T a été évaluée comme décrit dans la figure 3. Des résultats similaires ont été observés dans au moins deux expériences distinctes.

25 - la figure 5 montre que le fragment de Tat 37-57 augmente la présentation de la toxine alpha à T1B2 par les lymphocytes B et les DCs spléniques. Les lymphocytes B (**A**) ou les DCs (**B**) ont été incubés avec des dilutions en série de toxine alpha, toxine alpha plus peptide 37-57, ou alpha37-57. Après trois heures à 37 °C, les cellules T1B2 ont été ajoutées et la stimulation des cellules T a été évaluée  
30 comme décrit dans la figure 3. Des résultats similaires ont été observés dans au moins deux expériences distinctes.

- la figure 6 montre que les complexes immuns contenant alpha37-57 se lient aux cellules A20 dépourvues de RFcγII ou exprimant le RFcγII et que le complexe alpha37-57 + antialpha lie le récepteur Fcγ de type II de façon similaire à alpha + antialpha pour de faibles concentrations en antigène. Des dilutions en série  
5 d'alpha37-57 ont été incubées pendant une nuit en présence de quantités fixes d'un anticorps polyclonal de lapin antialpha (10 nM ou 25 nM). Les cellules A20 dépourvues de RFcγII (**A**) ou exprimant le RFcγII (**B**) ont ensuite été ajoutées aux mélanges et incubées pendant 30 minutes à 4 ° C. Les cellules ont ensuite été lavées et un fragment F(ab)'2 d'anticorps polyclonal de chèvre anti-IgG de lapin couplé à la  
10 fluorescéine a été ajouté afin d'évaluer la liaison des complexes immuns par analyse en FACS. Des résultats similaires ont été observés dans quatre expériences distinctes.

- la figure 7 montre que le complexe alpha37-57 + antialpha présente une capacité T-stimulante accrue. Des séries de dilutions de toxine alpha ou alpha-37-57 ont été pré-incubées une nuit à 4 °C en présence ou en absence d'une  
15 quantité fixe d'IgGs de lapin ou d'anticorps polyclonaux de lapin antialpha (12,5 nM). Les cellules A20 dépourvues de RFcγII (**A**, **B**) ou exprimant RFcγII (**C**, **D**) ont ensuite été ajoutées. Après 3 heures d'incubation à 37 °C, T1B2 (**A**, **C**) ou T1C9 (**B**, **D**) ont été ajoutés et incubés pendant 24 heures à 37 °C. La sécrétion d'IL-2 a été évaluée à l'aide d'une lignée dont la croissance dépend de la présence d'IL-2. Des  
20 résultats similaires ont été observés dans au moins deux expériences distinctes.

- la figure 8 montre que la protéine de fusion ZZDTR-BD est capable de lier l'héparine et l'héparane sulfate. Des séries de dilution de ZZDTR-BD ont été incubées dans des plaques de microtitration préalablement adsorbées avec de l'héparine couplée à de l'albumine pour évaluer la capacité de la protéine de fusion à  
25 lier le sucre sulfaté (**A**). La liaison aux plaques a été détectée à l'aide d'un anticorps polyclonal de lapin et d'un anticorps de chèvre anti-anticorps de lapin couplé à la peroxydase et d'un substrat de cet enzyme (ABTS). Pour évaluer la spécificité de liaison aux plaques et la région de ZZDTR-BD impliquée dans l'interaction, une quantité fixe de ZZDTR-BD a été incubée dans les plaques en présence de séries de  
30 dilutions de ZZ, Hep6000 et HS, respectivement (**B**). La liaison aux plaques a été détectée de la même manière qu'en A.

- la figure 9 montre que la capacité T-stimulante de ZZDTR-BD dépend de son aptitude à lier les HS et des immunoglobulines. ZZDTR-BD a été pré-incubé en présence ou en absence d'un excès d'Hep6000 (3 $\mu$ M), d'IgG de lapin (0,8 $\mu$ M), ou d'un mélange d'Hep6000 (3 $\mu$ M) et d'IgG de lapin (0,6  $\mu$ M). Les  
5 mélanges ont été ajoutés aux cellules A20. Après 1 heure à 37 °C, l'hybridome T4B6 a été ajouté. 24 heures plus tard, les surnageants ont été prélevés et la présence d'IL-2 a été évaluée à l'aide d'une lignée CTL-IL-2 dépendante.

- la figure 10 illustre la détermination de la population de spléno-  
cytes liée par ZZDTR-BD. Une quantité fixe de ce complexe a été incubée en  
10 présence ou en absence de splénocytes et de trois anticorps marqués à la phycoerythrine, spécifiques des lymphocytes T CD4+ (antiCD4-PE), des lymphocytes T CD8+ (antiCD8-PE) et des lymphocytes B (antiCD19-PE). Après 30 minutes à 4 °C, les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine. 30 minutes plus tard, les cellules ont été  
15 lavées et analysées par cytométrie de flux.

- la figure 11 montre que la capacité T-stimulante de ZZDTR-BD est augmentée quand elle est préalablement complexée à des anticorps spécifiques de déterminants exprimés à la surface de CPAgs. ZZDTR-BD a été pré-incubé en présence ou en absence de quantités équimolaires de l'anticorps 14-4-4S, 10-1.D.2 et  
20 M $\alpha$ 2-3, respectivement. Les mélanges ont été ajoutés à des cellules A20 ou à des splénocytes. Après 1 heure à 37 °C, l'hybridome T4B6 a été ajouté. 24 heures plus tard, les surnageants ont été prélevés et la présence d'IL-2 a été évaluée à l'aide d'une lignée CTL-IL-2 dépendante.

- la figure 12 illustre la liaison des complexes alpha/anti/alpha et  
25 alpha37-57/antialpha à des splénocytes de souris BALB/c, analysée en cytométrie de flux à l'aide d'un fragment F(ab)'2 d'anticorps polyclonal de chèvre anti-IgG de lapin couplé à la fluorescéine. Cal FITC : splénocytes (contrôle). Alpha/antialpha : splénocytes + complexes immuns alpha-antialpha. Alpha37-57/antialpha : splénocytes + complexes immuns alpha37-57/antialpha.

30 - la figure 13 illustre la détermination de la population de splénocytes liée par le complexe anti-toxine alpha/toxine alpha37-57. Une quantité fixe de ce complexe a été incubée en présence ou en absence de splénocytes et de trois

anticorps marqués à la phycoerythrine, spécifiques des lymphocytes T CD4+ (antiCD4-PE), des lymphocytes T CD8+ (antiCD8-PE) et des lymphocytes B (antiCD19-PE). Après 30 minutes à 4 °C, les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine. 30 minutes plus tard, les cellules ont été lavées et analysées par cytométrie de flux.

- la figure 14 illustre la détermination de la population de splénocytes liée par le complexe 14-4-4S/ZZDTR-BD. Une quantité fixe de ZZDTR-BD ou du complexe 14-4-4S/ZZDTR-BD a été incubée en présence ou en absence de splénocytes et de trois anticorps marqués à la fluorescéine, spécifiques des lymphocytes T CD4+ (antiCD4-PE), des lymphocytes T CD8+ (antiCD8-PE), et des lymphocytes B (antiCD19-PE). Après 30 minutes à 4 °C, les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine. 30 minutes plus tard, les cellules ont été lavées et analysées par cytométrie de flux.

- la figure 15 montre que le complexe antiCMH/ZZDTR-BD induit en absence d'adjuvant une réponse en anticorps anti-toxine diphtérique supérieure à celle induite par le complexe IgG2a/ZZDTR-BD. Les deux complexes ont été respectivement injectés en absence d'adjuvant à deux groupes de 4 souris BALB/c. Les animaux ont été prélevés quarante cinq jours après l'immunisation et les sérums ont été poolés. La présence d'anticorps anti-toxine diphtérique a été évaluée par dosage immunoenzymatique.

- la figure 16 montre qu'un composé possédant la capacité à cibler les HS et une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAgs est capable d'induire une réponse immunitaire cytotoxique supérieure à un composé qui ne cible que les HS ou que la molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAgs. Les protéines Tat47-57-SIINFEKL-alpha et SIINFEKL-alpha (dilution 1µM final), complexées ou non complexées à l'anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha (anti-alpha, 50nM) ont été ajoutés à des cellules dendritiques JAWSII utilisées comme CPAgs. Après 5 h à 37 °C, les cellules ont été fixées et des splénocytes de souris OTI qui contiennent des lymphocytes TCD8+ reconnaissant l'épitope T, de séquence SIINFEKL, en association avec les molécules de classe I de type I-A<sup>b</sup>, ont été ajoutés. Le niveau de stimulation T CD8+ des splénocytes OTI a été évalué par un test de

prolifération cellulaire. Les résultats sont exprimés en cpm (nombre de coups par minute).

- la figure 17 montre qu'un composé possédant la capacité à cibler les HS et une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAGs accroît plus  
5 fortement l'expression des molécules de co-stimulation CD80 et CD86 que les composés qui ne ciblent que les HS ou que la molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAGs. La toxine alpha sauvage et les protéines Tat47-57-SIINFEKL-alpha et SIINFEKL-alpha (1µM final) complexées ou non complexées à l'anticorps (25nM final) ont été ajoutées à des cellules dendritiques JAWSII utilisées comme  
10 CPAGs. Après 24 heures à 37°C, les cellules ont été lavées, incubées en présence d'anticorps anti-CD80 (A) et anti-CD86 (B) marqués à la fluorescéine, et la liaison des anticorps aux cellules a été analysée par cytométrie de flux.

**Exemple 1: Sélection d'un fragment de Tat capable de lier les héparanes sulfates de la surface cellulaire et couplage à la toxine alpha.**

15 **1. Matériels et méthodes**

1.1 Synthèse des peptides Tat

La protéine Tat (SEQ ID NO : 8 ; Figure 1A) correspond à celle de l'isolat NDK du VIH-1 (Groenink *et al.*, J. Virol., 1991, 65, 1968-1975) qui représente la séquence consensus obtenue à partir de 66 séquences d'isolats primaires de VIH-1  
20 rapportées dans les bases de données SWISSPROT et TrEMBL entre 1999 et 2000. La synthèse chimique des peptides Tat a été réalisée par la stratégie Fmoc/tert-butyl à l'aide d'un synthétiseur automatique de peptides APPLIED BIOSYSTEMS 433A. Le procédé chimique utilise 0,1 mmole de résine Fmoc-Asp(OtBu)-PAL-PEG-PS, un excès d'un facteur 10 de chaque acide aminé, du dicyclohexylcarbodiimide/1-  
25 hydroxy-7-azabenzotriazole et du diisopropylethylamine/N-méthyl pyrrolidone. Le clivage et la déprotection ont été réalisés à l'aide d'un mélange acide trifluoroacétique/triisopropylsilane/eau (9,5/0,25/0,25, v/v/v). Le matériel brut a été précipité deux fois avec du ter-butyle méthyle éther refroidi 4 °C puis dissous dans une solution aqueuse d'acide acétique à 15 %. Les peptides ont ensuite été purifiés par chromatographie liquide haute performance (CLHP) en phase inverse, sur une colonne Vydac  
30 C18 (HESPERIA). Les peptides et les protéines synthétisés ont été caractérisés par

spectrométrie de masse et par l'analyse des acides aminés. Ils sont conservés à 20 °C, sous forme lyophilisée.

### 1.2 Couplage du peptide Tat<sub>37-57</sub> à la toxine alpha

La toxine alpha de *Naja nigricollis* (Swiss-Prot P01468 ; SEQ ID  
5 NO : 9) a été purifiée comme décrit dans Fryklund *et al.*, Biochemistry, 1975, 14,  
2865-2871. La toxine alpha monothiolate, comprenant un groupement thiol en N-  
terminal, a été obtenue en utilisant le 3-(2- pyridyldithiol) propionate de N-  
succinimidyle (SPDP) comme réactif bifonctionnel, selon le protocole précédemment  
10 décrit (Léonetti *et al.*, J. Exp. Med., 1999, 189, 12177-). Le pont disulfure supplé-  
mentaire a ensuite été réduit à l'aide d'un tampon acétate, pH 4,5, contenant 0,1 M  
NaCl et 25 mM dithiothreitol. Le mélange a ensuite été agité à température  
ambiante, pendant 20 min et la solution a été filtrée sur une colonne PD10 équilibrée  
en tampon phosphate 0,1 M, pH 6,1, contenant 0,1 M NaCl. La toxine monothiolate  
éluée du volume mort a ensuite été incubée pendant 1 heure à température ambiante  
15 en présence d'un excès d'un facteur 3 du peptide Tat<sub>37-57</sub>, dans du tampon PBS. Le  
mélange a ensuite été filtré sur une colonne PD10 équilibrée en tampon phosphate 0,1  
M, pH 7 et la pureté du conjugué a été évaluée par chromatographie liquide haute  
performance (CLHP) en phase inverse.

### 1.3 Liaison aux cellules

#### 20 *Cellules utilisées*

La lignée de lymphome B murin, dénommée A20, obtenue comme  
décrit dans K.J. Kim *et al.*, J. Immunol., 1979, 122, 549-, est disponible sous le n°  
ATCC TIB-208.

L'hybridome T, spécifique de la toxine  $\alpha$  et de l'érabutoxine a,  
25 dénommé T1B2, a été obtenu comme décrit dans B. Maillère *et al.*, J. Immunol., 1993,  
150, 5270-.

Les splénocytes de souris ont été isolés à partir de rates de souris.  
Pour cela, les animaux ont été sacrifiés puis les rates ont été prélevées stérilement. Les  
rates ont été dilacérées et les globules rouges ont été lysés à 4°C à l'aide d'un tampon  
30 de Gey. Les splénocytes ont été récupérés après 10 minutes de centrifugation à 4°C.

Les cellules dendritiques ont été isolées à partir de splénocytes de  
souris en utilisant des microbilles MACS, selon le protocole du fabricant (MILTENYI

BIOTEC). Brièvement, les rates ont été incubées en présence de collagénase D (2 mg/ml) pendant 30 minutes à 37 °C en présence d'un excès d'IgG de souris non-spécifiques. Les cellules ont ensuite été incubées à 4 °C. Quinze minutes plus tard, des microbilles antiCD11c ont été ajoutées et incubées pendant 15 minutes à 6-8 °C. Les  
5 splénocytes ont été lavés, centrifugés et passés au travers de colonnes magnétique. L'enrichissement a été évalué par analyse en FACS à l'aide de quatre anticorps anti-CD (antiCD4-FITC, anti-CD19-PE, anti-CD11c-FITC, et anti-IA/IE-PE, BECTON-DICKINSON). La pureté était supérieure à 95%.

*Liaison aux cellules de Tat101 et de peptides Tat avec des extensions C-terminales  
10 différentes*

Des séries de dilutions de chaque peptide Tat ont été incubées en présence de différent types de cellules ( $2.10^5$  splénocytes par puits,  $10^5$  cellules A20 ou T1B2 par puits) pendant 30 min à 4 °C en tampon PBS/0,5% BSA. Les cellules ont été lavées trois fois et incubées en présence d'anticorps monoclonal murin spécifique  
15 de la région N-terminale de Tat couplé de façon covalente à la fluorescéine tel que décrit dans Lecoq *et al.*, Vaccine 2008, 26, 2615-2626 (1 µg/puits). Après 30 min d'incubation à 4 °C, les cellules ont été lavées et analysées en FACS®.

*Liaison aux cellules de la toxine alpha sous forme libre ou couplée de façon covalente à Tat<sub>37-57</sub> (alpha37-57).*

20 Des séries de dilutions de toxine alpha et alpha37-57 ont été incubées en présence de différent types de cellules ( $2.10^5$  splénocytes par puits,  $10^5$  cellules A20 ou  $10^5$  cellules dendritiques) pendant 30 min à 4 °C dans du tampon PBS/0,5% BSA. Les cellules ont été lavées et incubées en présence d'anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha (1 µg/well). Après 30 min d'incubation à 4 °C, les  
25 cellules ont été lavées et un fragment F(ab)'2 d'anticorps polyclonal de chèvre anti-IgG de lapin couplé à la fluorescéine a été ajouté. Après 30 min d'incubation à 4 °C, les cellules ont été lavées et analysées en FACS®.

## 2. Résultats

Tat est une protéine liant l'héparine (Albini *et al.*, Oncogene, 1996, 12, 289- ; Rusnati *et al.*, J. Biol. Chem., 1997, 272, 11313-) qui est internalisée dans  
30 les cellules par un mécanisme nécessitant des héparanes sulfates protéoglycanes (HSPGs) à la surface des cellules (Tyagi *et al.*, J. Biol. Chem., 2001, 276, 3254). Une

protéine Tat sauvage de 101 résidus (Tat101) et quatre peptides dérivés de Tat ont été produits par synthèse chimique afin de sélectionner un fragment monomérique de Tat capable de lier les cellules (Figure 1A).

Dans ces dérivés, les sept résidus cystéine de Tat situés dans la région riche en cystéines de la molécule (acides aminés 22 à 37) ont été remplacés par sept sérines étant donné que Tat a une tendance naturelle à former une grande variété d'oligomères médiés par des ponts-disulfures (Kittiworakarn *et al.*, J. Biol. Chem., 2006, 281, 3105-). Le premier dérivé est une molécule complète dénommée Tat101C(22-37)S (Kittiworakarn *et al.*, J. Biol. Chem., 2006, 281, 3105-). Les trois autres polypeptides sont des fragments de Tat tronqués en C-terminal (1-57C(22-37)S, 1-48C(22-37)S, 1-37C(22-37)S). Après avoir évalué la pureté des cinq polypeptides, leur capacité à lier différents types de cellules a été comparée. Dans ces expériences, la liaison aux cellules a été révélée en utilisant un anticorps monoclonal dirigé contre la région N-terminale de Tat et une analyse en cytométrie de flux (FACS).

La figure 1B montre que Tat 101 lie les splénocytes alors que Tat101C(22-37)S interagit faiblement, indiquant que la région riche en cystéines joue un rôle important dans l'interaction de Tat avec les cellules. Contrairement à Tat101C(22-37)S, le peptide 1-57C(22-37)S lie les splénocytes comme Tat101 de type sauvage, indiquant que la perte de liaison due à l'absence des résidus cystéines a été contrebalancée par l'absence de la région 58-101. L'obtention d'une liaison similaire à celle du peptide 1-57C(22-37)S nécessite approximativement 50 fois plus de peptides 1-48C(22-37)S, indiquant que l'absence des résidus 49 à 57, correspondant à la région basique de Tat diminue fortement la capacité de liaison. Enfin, aucune liaison n'a été observée avec le peptide 1-37C(22-37)S, montrant que l'interaction est abolie en l'absence des résidus 38 à 48 correspondant au domaine central (core) de Tat.

Des résultats similaires ont été obtenus en utilisant les cellules de lymphome B murin de la lignée A20 (figure 1C) ou des cellules de l'hybridome T dénommé T1B2 (figure 1D), indiquant que Tat et ses fragments sont capables de lier une variété de cellules, en accord avec la distribution ubiquitaire des HSPGs. Du fait de ces résultats qui montrent l'implication des régions riche en cystéines (résidus 22-37), centrale (core : résidus 38 à 48) et riche en résidus basiques (résidus 49-57) dans

la liaison aux cellules, et des observations antérieures que Tat a une propension spontanée à former une grande variété d'oligomères médiés par des ponts disulfures (Kittiworakarn *et al.*, J. Biol. Chem., 2006, 281, 3105-), seules les régions riche en résidus basiques et centrale ont été sélectionnés pour préparer un fragment monomérique homogène capable de lier les cellules. La cystéine 37 de Tat a été incorporée dans ce fragment pour coupler la toxine alpha de *Naja nigricollis* (Thai *et al.*, J. Biol. Chem., 2004, 279, 50257-). Le nouveau peptide synthétisé, dénommé 37-57 a été couplé à la toxine alpha via un pont disulfure entre la cystéine 37 et un groupement thiol préalablement incorporé sur la leucine 1 de la toxine alpha (Kessler *et al.*, Bioconjug. Chem., 1994, 5, 199-), dans la mesure où ce résidu est éloigné des épitopes T de la toxine reconnus par l'haplotype H-2d (Léonetti *et al.*, J. Immunol., 1990, 145, 4214- ; Maillère *et al.*, J. Immunol., 1993, 150, 5270). Le dérivé a été dénommé alpha37-57.

Afin d'étudier si le peptide 37-57 confère à la toxine alpha la capacité de lier les cellules, différentes dilutions de toxine alpha ou de polypeptide alpha37-57 ont été incubées en présence de respectivement, des splénocytes, des cellules A20 ou des cellules dendritiques. Après 30 min d'incubation à 4 °C, un anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha et un fragment F(ab)'2 d'anticorps polyclonal de chèvre anti-IgG de lapin couplé à la fluorescéine ont été ajoutés puis l'analyse par FACS a été effectuée.

La figure 2 montre que le polypeptide alpha37-57 augmente l'intensité de fluorescence de différents types de cellules alors que la toxine alpha libre (alpha) est peu efficace, suggérant fortement que le peptide 37-57 confère à la toxine alpha, la capacité de lier les cellules. Pour conforter le rôle de la portion 37-57 de Tat dans la liaison aux cellules, la liaison d'alpha37-57 aux cellules a aussi été examinée en présence d'héparine, un polysaccharide sulfaté soluble, représentatif des héparanes sulfates et capable de lier Tat (Albini *et al.*, Oncogene, 1996, 12, 289). L'intensité de fluorescence diminue lorsque les splénocytes sont pré-incubés en présence d'alpha37-57 et d'un excès d'héparine (figure 2A), démontrant que la liaison d'alpha37-57 est médiée par la portion Tat.

**Exemple 2 : La toxine alpha est présentée de façon plus efficace à deux hybridomes de cellules T spécifiques de la toxine alpha lorsqu'elle est couplée de manière covalente au peptide 37-57.**

### **1. Matériels et méthodes**

#### 5 1.1 Isolement de lymphocytes B et de cellules dendritiques à partir de splénocytes

Les cellules dendritiques ont été isolées comme décrit à l'exemple 1. Les lymphocytes B ont été isolés en utilisant des microbilles antiCD19, selon un protocole similaire.

#### 1.2 Tests de stimulation des cellules T

10 Toutes les expériences ont été réalisées à l'aide de DCCM1 (BIOLOGICAL INDUSTRIES) comme milieu de culture synthétique. Des dilutions en série des différents antigènes ont été incubées dans les puits de micro-culture (NUNC) pendant 3 heures à 37 °C en présence, soit d'A20 ( $5 \cdot 10^4$ /puits), ou de spléno-  
15 cytes ( $5 \cdot 10^5$ /puits) ou de DCs ( $3 \cdot 10^4$ /puits). Un hybridome de cellules T spécifique de la toxine alpha (T1C9 : Maillère *et al.*, Mol. Immunol., 1995, 32, 1073- ; T1B2 :  
Maillère *et al.*, J. Immunol., 1993, 150, 5270- ;  $5 \cdot 10^4$ /puits) a ensuite été ajouté aux puits et les cellules ont été cultivées pendant 24 h à 37 °C. Le niveau de stimulation T  
20 qui se traduit par une sécrétion d'IL-2 a été évalué par prélèvement des surnageants de culture et mesure de la présence d'IL-2 à l'aide d'une lignée de cellules T cytotoxiques (CTL) dont la croissance dépend de cette interleukine telle que décrite dans Gillis *et al.*, Nature, 1977, 268, 154-156. La prolifération de la lignée CTL-IL-2 dépendante a été évaluée par mesure de l'incorporation de méthyl-thymidine tritiée (5 Ci/mmol). Les données sont exprimées en cpm.

### **2. Résultats**

25 La présentation d'alpha37-57 et de la toxine alpha libre à deux hybridomes de cellules T spécifiques, dénommés T1B2 et T1C9, qui reconnaissent respectivement un épitope thiol-dépendant (Maillère *et al.*, J. Immunol., 1993, 150, 5270-) et un épitope thiol-indépendant (Maillère *et al.*, Mol. Immunol., 1995, 32, 1073-) a été évaluée en utilisant des splénocytes comme cellules présentatrices de  
30 l'antigène (APCs ou CPAgs). Comme le montre la figure 3A, la quantité de toxine alpha libre nécessaire pour stimuler T1B2 est similaire en présence et en l'absence de quantités équimolaires de peptide libre 37-57, ce qui indique que ce fragment de Tat

libre n'a pas d'influence sur la présentation de l'antigène. En revanche, des quantités 5 fois inférieures d'alpha37-57 suffisent à stimuler les hybridomes de cellules T de manière aussi efficace que la toxine alpha libre, indiquant que l'augmentation de la capacité à stimuler les cellules T est due au couplage covalent du peptide Tat.

5 Deux observations indiquent que l'effet stimulant est dû au ciblage de la protéine hybride sur les HSPGs exprimés à la surface des CPAgs. La première observation a été faite en utilisant trois polysaccharides solubles sulfatés différents incubés en excès (3 uM) avec des dilutions en série d'alpha et d'alpha37-57. Ni la chondroïtine A, ni la chondroïtine B qui sont des représentants des chondroïtines sulfates et qui

10 lient faiblement Tat (Rustani *et al.*, J. Biol. Chem., 1997, 272, 11313-), ne sont capables d'inhiber l'effet stimulant (figure 3A). En revanche, l'héparine, qui est représentative des héparanes sulfates et est capable d'inhiber la liaison de l'hybride alpha37-57 aux splénocytes (figure 2A), est capable de diminuer la capacité T-stimulante d'alpha37-57 au niveau observé avec la toxine alpha libre. La deuxième

15 observation a été faite en utilisant des quantités en excès de peptide libre 37-57. Dans un première série d'expériences réalisées avec un protocole similaire à celui utilisé pour les polysaccharides sulfatés, le peptide 37-57 libre n'a pas d'incidence sur la présentation de la toxine alpha libre, indiquant qu'il n'est pas toxique à la concentration utilisée (0,2 µM) et qu'il inhibe faiblement, voire pas du tout, la présentation

20 d'alpha37-57 (figure 3B). Toutefois, cette faible capacité d'inhibition est liée au protocole utilisé étant donné qu'une altération importante de la capacité T-stimulante a été observée lorsque l'étape de liaison aux cellules a été séparée de celle de l'apprêtement et de la présentation (figure 3C). Ainsi, la stimulation de l'hybridome de cellules T est diminuée lorsque les splénocytes sont incubés à 4 °C avec le peptide

25 37-57 et l'alpha37-57 et qu'ils sont ensuite lavés pour éliminer la protéine non liée avant l'addition des cellules T1B2. Ces observations ont également été faites lorsque la présentation de l'antigène a été étudiée au moyen de l'hybridome T1C9 (figure 3D, 3E, 3F). Ainsi, la protéine hybride est 13 fois plus puissante que la toxine alpha à stimuler T1C9, et ce phénomène est affecté en présence d'un excès d'héparine (figure

30 3D) ou de peptide libre 37-57 (figure 3F). Par conséquent, l'effet stimulant n'est pas lié à un épitope particulier. Comme la toxine alpha est une protéine très stable (Thai *et al.*, J. Biol. Chem., 2004, 279, 50527-) qui nécessite absolument un apprêtement pour

stimuler les cellules T (Maillère *et al.*, J. Immunol., 1993, 150, 5270-), il a ensuite été examiné si l'effet stimulant dépendait de l'apprêtement de l'antigène. Pour ce faire, des splénocytes fixés ont été utilisés comme CPAgs. En leur présence, les deux hybridomes de cellules T ne sont pas stimulés par la toxine alpha, ni par alpha37-57 (figure 4A et 4B). Cette absence de stimulation n'est pas due à une altération de la capacité de 5 présentation des splénocytes fixés, étant donné qu'ils restent capables de présenter le peptide 32-49 et le peptide Ac24-36 aux hybridomes T1B2 (figure 4A) et T1C9 (figure 4B), respectivement. Ces résultats indiquent donc que l'augmentation de la capacité T-stimulante dépend de l'apprêtement de la toxine par les CPAgs. Ensuite, il 10 a été évalué si le fragment de Tat 37-57 pouvait également augmenter la présentation d'un antigène qui ne nécessite pas d'apprêtement. En comparant la capacité stimulante du peptide Ac24-36 sous sa forme libre ou préalablement couplé à Tat37-57, il a été observé que Ac24-36 et Ac24-36-Tat37-57 ne diffèrent pas significativement dans leur capacité à stimuler T1C9, en présence de splénocytes fixés (figure 4B) ou vivants 15 (figure 4C), indiquant que l'effet stimulant n'est pas lié à une augmentation de la présentation à la surface des cellules. L'ensemble de ces résultats indique que la fraction Tat37-57 cible les HSPGs et augmente ainsi la présentation restreinte au CMH de classe II d'un antigène protéique qui nécessite un apprêtement. Une augmentation similaire de la capacité T stimulante a été observée lorsque la toxine alpha est 20 couplée à la région basique de Tat.

Ensuite, les lymphocytes et les DCs ont été purifiés à partir de splénocytes afin d'examiner si l'effet stimulant est observée en présence de ces deux types différents de CPAgs. Avec les lymphocytes B, la stimulation de T1B2 exige une quantité d'alpha37-57 environ 10 fois inférieure à celle de toxine alpha libre, ou de 25 toxine alpha libre plus peptide 37-57 (figure 5A). Avec les DCs l'effet est plus prononcé, puisque la stimulation des cellules T nécessite 180 fois moins d'hybride que de toxine alpha libre en présence ou en l'absence de peptide 37-57 (figure 5B). Par conséquent, l'effet stimulant est observé en présence de ces deux types de CPAgs et dépend du couplage covalent du fragment de Tat à l'antigène protéique.

**Exemple 3 : Les CPAGs portant une récepteur Fcγ de type II (RFcγII) présentent de manière plus efficace un complexe immun contenant un antigène couplé de manière covalent au peptide 37-57.**

### 1. Matériels et méthodes

#### 5 *Cellules utilisées*

Voir l'exemple 1.

Les lignées de lymphome B, A20, dépourvues ou exprimant RFcγII, sont décrites dans Amigorena *et al.*, Science, 1992, 256, 1808-.

#### *Liaison des complexes immuns aux cellules*

10 Des séries de dilutions de toxine alpha ou alpha37-57 ont été incubées pendant une nuit à 4 °C, en présence d'un anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha (10 nM ou 25 nM). Les cellules A20 et A20 exprimant RFcγII ont ensuite été ajoutées (10<sup>5</sup> par puits) et incubées pendant 30 min à 4° C en tampon PBS complémenté avec 0,5 % de sérum albumine bovine (PBS/0,5% BSA). Les mélange  
15 ont ensuite été lavés et un anticorps de chèvre anti-IgG de lapin couplé à la fluorescéine été ajouté. Après 30 min d'incubation à 4 °C, les cellules ont été lavées et analysées par FACS®.

#### *Tests de stimulation des cellules T*

Voir l'exemple 2.

20 Des dilutions en série d'alpha ou d'alpha37-57 en présence ou en absence d'antialpha (12,5nM) ou d'anticorps de lapin non spécifiques de la toxine (appelés rabbit IgG) ont été pré-incubées une nuit à 4°C. Des cellules A20 dépourvues ou exprimant RFcγII (5 10<sup>4</sup> cellules par puits) ont été ajoutées. Après 3 heures d'incubation à 37 °C, les hybridomes T1B2 et T1C9 ont été respectivement ajoutés à  
25 raison de 5.10<sup>4</sup> cellules par puits. Après 24 heures de culture à 37 °C, le niveau de stimulation T qui se traduit par une sécrétion d'IL-2 a été évalué par prélèvement des surnageants de culture et mesure de la présence d'IL-2 à l'aide d'une lignée CTL dont la croissance dépend de cette interleukine. La prolifération de la lignée CTL-IL-2 dépendante a été évaluée par mesure de l'incorporation de méthyl-thymidine tritiée (5  
30 Ci/mmol).

## 2. Résultats

Comme les HSPGs peuvent agir comme corécepteurs qui modulent la rencontre de protéines extracellulaires avec leurs récepteurs en formant des complexes héparanes sulfates (HS)/protéine (Park *et al.*, J. Biol. Chem., 2000, 275, 29923- ; Carey, D.J. Biochem. J., 1997(Pt1) :1), alpha37-57 a été utilisée pour étudier si les HSPGs peuvent réguler la présentation de l'antigène médiée par un récepteur. La présente étude concerne la présentation médiée par le récepteur Fc $\gamma$  de type II (RFc $\gamma$ II) étant donné que ce récepteur lie les complexes immuns (ICs) et qu'il influence la présentation de l'antigène (Sallusto *et al.*, J. Exp. Med., 1994, 179, 1109 ; Amigorena *et al.*, Science, 1992, 256, 1808- ; Amigorena *et al.*, J. Exp. Med., 1998, 187, 505- ; Regnault *et al.*, J. Exp. Med., 1999, 189, 371-). En conséquence, un complexe immunitaire a été utilisé. Ce complexe contient un anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha (antialpha) et la toxine alpha de *Naja nigricollis* qui a préalablement été couplée au fragment 37-57 de Tat capable de lier les HS (alpha37-57). Ce complexe immunitaire, appelé alpha37-57 + antialpha, possède donc la capacité à lier, d'une part, les HS exprimés à la surface de la plupart des cellules et, d'autre part, les récepteurs qui reconnaissent la région Fc des anticorps et qui sont sélectivement exprimés à la surface des CPAgs.

Ce complexe a été évalué en utilisant comme CPAgs, la lignée A20 de lymphome B, dépourvue ou exprimant le récepteur Fc $\gamma$  de type II (RFc $\gamma$ II ; Amigorena *et al.*, Science, 1992, 256, 1808-). Alpha37-57 + antialpha a été comparé à un complexe dépourvu de la région 37-57, appelé alpha + antialpha afin d'évaluer l'apport procuré par la région capable de lier les HS. Deux caractéristiques ont été étudiées : d'une part, la capacité à lier les deux types de cellules A20, d'autre part, la capacité à stimuler deux hybridomes T, appelés T1C9 et T1B2, qui sont spécifiques de la toxine alpha.

2.1. Capacité à lier les A20 dépourvues ou exprimant RFc $\gamma$ II : pour de faibles concentrations en antigène les complexes alpha37-57 + antialpha et alpha37-57 + antialpha lient de façon similaire le récepteur Fc $\gamma$  de type II.

La liaison des deux complexes aux cellules A20 a été évaluée (figure 6). Comme on peut le voir sur la figure 6A, les cellules A20 qui n'expriment pas le RFc $\gamma$ II sont liées uniquement par le complexe alpha37-57 + antialpha ce qui indique

que l'interaction du complexe est médiée par la région 37-57 de liaison aux HS. Le scénario est différent en présence des cellules A20 exprimant RFcγII (figure 6B). En effet, le complexe alpha + antialpha se lie aux cellules de façon similaire à alpha37-57 + antialpha pour des concentrations d'Ag inférieures ou égales à 1 nM ce qui indique  
5 que, pour de faibles concentrations en antigène, les deux complexes lient aussi bien les cellules. Ces observations indiquent donc que les deux complexes interagissent de façon similaire avec le RFcγII exprimé à la surface des cellules A20 ce qui indique que la présence du ligand des HS ne perturbe pas l'interaction des anticorps au RFcγII. Quand la quantité d'antigène devient supérieure à 1 nM l'interaction d'alpha +  
10 antialpha décroît ce qui indique que les anticorps lient moins efficacement les RFcγII exprimés à la surface des cellules. En revanche, la liaison d'alpha37-57 + antialpha augmente ce qui indique que l'interaction avec les cellules devient principalement médiée par la région 37-57.

2.2. Capacité T-stimulante : la capacité T-stimulante de la toxine alpha est augmentée quand la protéine est couplée à 37-57 et complexée à l'anticorps antialpha.  
15

La capacité T-stimulante des complexes alpha+antialpha et alpha37-57+antialpha a été évaluée (figure 7). Comme on peut le voir sur cette figure, les cellules A20 négatives (figure 7A) et positives (figure 7C) pour RFcγII présentent mieux alpha37-57 qu'alpha à l'hybridome T1B2 ce qui indique que la présence du  
20 ligand des HS accroît la présentation de la protéine et sa capacité T-stimulante. En présence des A20 dépourvues de RFcγII, la présentation du complexe immun alpha37-57 + antialpha reste semblable à celle d'alpha37-57 libre et la présentation du complexe alpha + antialpha reste semblable à celle d'alpha (figure 7A et 7B) ce qui indique que la capacité T-stimulante de l'antigène (Ag) n'est pas modifiée lorsqu'il est  
25 associé à l'anticorps et présenté par ces CPAgs. Le résultat est similaire pour le complexe alpha + antialpha en présence des A20 exprimant RFcγII (figure 7C et 7D) ce qui indique que la capacité T-stimulante de la toxine alpha sauvage n'est pas modifiée lorsqu'elle est associée à l'anticorps qui interagit avec le récepteur Fc exprimé à la surface des CPAgs. Le résultat est en revanche sensiblement différent pour le  
30 complexe alpha37-57 + antialpha. En effet, la capacité T-stimulante d'alpha37-57 est fortement accrue lorsqu'il interagit préalablement avec l'antialpha (figure 7C et 7D). Ainsi, pour stimuler T1B2 avec alpha37-57 + antialpha il suffit de quantités d'Ag

respectivement 130 fois plus faibles qu'alpha37-57 libre (alpha + rabbit IgG), et plus de 1000 fois inférieures à alpha libre (alpha + rabbitIgG) ou complexé à l'antialpha (alpha + antialpha). Le même phénomène est observé pour l'hybridome T1C9 ce qui indique que l'augmentation de capacité T-stimulante est procurée pour l'ensemble des  
5 épitopes T de la toxine alpha. Ces résultats indiquent donc que le ciblage du RFcγII permet un accroissement de la capacité T-stimulante de la toxine alpha complexée à l'anticorps seulement dans le cas où elle est préalablement couplée au fragment 37-57. De plus, l'augmentation du pouvoir T-stimulant disparaît lorsque le complexe est incubé en présence d'un excès d'héparine (voir alpha37-57 + antialpha + Héparine,  
10 figure 7D) ce qui indique que le fragment 37-57 contribue à l'effet.

L'ensemble de ces observations indique donc que la capacité T-stimulante de la toxine alpha est augmentée quand elle est associée à un ligand des HS et à un ligand du récepteur FcγII et que ce phénomène est provoqué par le ciblage du RFcγII en association avec la capacité à lier les HS.

15 **Exemple 4 : Le domaine de la toxine diphtérique capable de se lier au récepteur cellulaire est capable de lier les héparanes sulfates.**

Des protéines de fusion incorporant, d'une part, une protéine antigénique et, d'autre part, un double domaine ZZ dérivé de la protéine A de *Staphylococcus aureus* ont été précédemment construites (Léonetti *et al.*, J. Immunol.,  
20 1998, 160, 3820-). ZZ peut se lier aux immunoglobulines de façon semblable à la protéine A et il a été observé que des protéines de fusion de type ZZAg présentent une capacité T-stimulante accrue. Il a été montré que cet accroissement est médié par la région ZZ qui lie les CPAs porteuses d'immunoglobulines et accroît ainsi la quantité d'Ag incorporée dans les cellules. Ce système de protéine de fusion permet donc un  
25 ciblage des Ags médié par les immunoglobulines de surface. Sur la base de ce système, une autre protéine de fusion, appelée ZZDTR dans la publication de Lobeck *et al.* (Infection and Immunity, 1998, 66, 418-423), a été construite. Cette protéine de fusion, appelée maintenant ZZDTR-BD, contient le domaine (DTR-BD) de la toxine diphtérique capable de lier le récepteur cellulaire qui est la cible de cette toxine. Ce  
30 récepteur n'est pas exprimé à la surface des CPAs. Il a été évalué si la protéine de fusion ZZDTR-BD était capable de lier les héparanes sulfates.

La liaison de ZZDTR-BD aux héparanes sulfates a été évaluée en deux étapes.

Dans une première étape, la liaison de ZZDTR-BD à des plaques de microtitration portant de l'héparine a été évaluée. Pour cela, les plaques de microtitration ont été préalablement adsorbées avec de l'héparine-albumine (1µg/100µl/puits) puis saturées avec de la sérum albumine bovine (200µl/puits à 0,3 %). Les plaques ont ensuite été lavées et une série de dilutions de ZZDTR-BD a été déposée dans les puits et incubée pendant une nuit à 4°C. Les plaques ont été lavées et un anticorps polyclonal de lapin a été ajouté. Après 30 minutes à température ambiante, les plaques ont été lavées et un anticorps de chèvre anti-anticorps de lapin a été ajouté. 30 minutes plus tard, les plaques ont été lavées, un substrat a été ajouté et la coloration a été mesurée à 414 nm après 30 minutes d'incubation.

Dans une seconde étape, il a été évalué si la liaison de ZZDTR-BD aux plaques adsorbées avec l'héparine-albumine peut être altérée lorsque la protéine de fusion est incubée en présence de solutions contenant soit un fragment d'héparine de 6000Da de masse moléculaire (Hep6000), soit de l'héparane sulfate soit ZZ. Pour cela, une concentration fixe de ZZDTR-BD a été déposée en présence de séries de dilutions d'Hep6000, d'héparane sulfate (HS) ou de ZZ. Après une incubation d'une nuit à 4° C, les plaques ont été lavées et un anticorps polyclonal de lapin a été ajouté. Après 30 minutes à température ambiante, les plaques ont été lavées et un anticorps de chèvre anti-anticorps de lapin a été ajouté. 30 minutes plus tard, les plaques ont été lavées, un substrat a été ajouté et la coloration a été mesurée à 414nm après 30 minutes d'incubation.

Comme on peut le voir sur la figure 8A, ZZDTR-BD lie les plaques adsorbées avec l'héparine-albumine ce qui indique que la protéine de fusion est capable d'interagir avec ce sucre sulfaté qui est proche des héparanes sulfates. L'interaction de ZZDTR-BD aux plaques est inhibée par les solutions d'Hep6000 et d'HS ce qui indique que la protéine de fusion interagit avec les HS et l'héparine à partir d'un site commun. Or, ce site ne se trouve pas localisé dans la région ZZ car le double domaine ZZ libre n'altère pas la liaison de ZZDTR-BD aux plaques. On peut donc en conclure que la capacité de liaison aux HS est médiée par le domaine DTR-BD de ZZDTR-BD.

**Exemple 5 : La protéine de fusion ZZDTR-BD présente une capacité T-stimulante qui est influencée par son aptitude à lier les HS et des immunoglobulines exprimées à la surface de CPAs**

Comme la protéine de fusion est capable de lier les HS et des immunoglobulines exprimées à la surface de CPAs, il a été évalué si sa capacité T-stimulante dépend de ces deux caractéristiques. Pour cela, la présentation de ZZDTR-BD à un hybridome T spécifique de la toxine diphtérique a été étudiée « *in vitro* ». L'hybridome, appelé T4B6, reconnaît l'épitope T 92-106 situé dans le domaine DTR-BD de la toxine diphtérique.

Pour évaluer la capacité T-stimulante, des séries de dilutions de ZZDTR-BD en présence ou en absence d'un excès d'Hep6000 (3 $\mu$ M final), d'HS (3 $\mu$ M final) ou d'IgG de lapin (0,8 $\mu$ M final) ont été incubées pendant 3 h à 4 °C dans des plaques de culture cellulaire. La lignée A20 qui est un lymphome B possédant des immunoglobulines en surface (5 10<sup>4</sup> cellules/pts, figure 9) et doté de capacités de présentation a ensuite été rajoutée. Après 1 heure d'incubation à 37°C, l'hybridome T4B6 est ajouté et le mélange est incubé pendant 24 heures à 37°C. La stimulation de l'hybridome est ensuite évaluée par mesure de la présence d'IL-2 dans les surnageants. Pour cela, les surnageants sont prélevés et incubés en présence d'une lignée CTL dont la pousse dépend de la présence d'IL-2. La croissance cellulaire est évaluée par mesure de l'incorporation de thymidine tritiée dans la lignée CTL-IL-2 dépendante.

Comme on peut le voir sur la figure 9, en présence du lymphome B A20, ZZDTR-BD est capable de stimuler l'hybridome T4B6 spécifique de la toxine diphtérique. La stimulation est plus faible lorsque ZZDTR-BD est préalablement incubé en présence d'un excès d'Hep6000 ce qui démontre que la capacité T-stimulante de la protéine est influencée par sa capacité à lier l'héparine. Comme il a précédemment été montré que le système de protéine de fusion ZZAg permet un ciblage des Ags vers les immunoglobulines exprimées à la surface des CPAs (Léonetti *et al.*, J. Immunol., 1998, 160, 3820-), ces résultats démontrent que ZZDTR-BD présente une capacité T-stimulante qui est accrue par sa capacité à lier des immunoglobulines et des composés de la famille des héparanes sulfates.

Pour déterminer la population de splénocytes liée par ZZDTR-BD, une quantité fixe de ZZDTR-BD (10 nM) a été incubée en présence de splénocytes et de trois anticorps respectivement spécifiques des lymphocytes T CD4+ (antiCD4), des lymphocytes T CD8+ (antiCD8) et des lymphocytes B (antiCD19). Ces trois anticorps sont marqués à la phycoerythrine. Après 30 minutes à 4°C, les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal de lapin qui peut interagir avec la région ZZ de la protéine de fusion. 30 minutes plus tard, un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine a été ajouté. Après 30 minutes d'incubation à 4°C, les cellules ont été lavées et analysées par cytométrie de flux. Comme on peut le voir sur la figure 10, les splénocytes contiennent environ 14 % de lymphocytes T CD8+, et 22 % de ces cellules sont liées par ZZDTR-BD. Les splénocytes contiennent environ 32 % de lymphocytes T CD4+, et 15,8 % de ces cellules sont liées par ZZDTR-BD. Les splénocytes contiennent environ 52 % de lymphocytes B, et 51,5 % de ces cellules sont liées par ZZDTR-BD. Comme les cellules B expriment des anticorps de surface et les cellules T CD4+ et T CD8+ en sont dépourvues, on peut conclure que ZZDTR-BD cible les anticorps de surface et ainsi se lie préférentiellement aux lymphocytes B, qui sont des CPAgs.

**Exemple 6: Augmentation de la capacité T-stimulante de la protéine de fusion ZZDTR-BD préalablement associée à des anticorps spécifiques de déterminants de surface de CPAgs.**

La protéine A et le domaine Z qui en est dérivé peuvent se lier à la région Fc de différentes classes d'anticorps. Il a précédemment été montré que cette caractéristique peut être exploitée pour former des complexes entre des Acs et des protéines de fusion de type ZZAg (Léonetti *et al.*, J. Immunol., 1998, 160, 3820-). Il a de plus été montré qu'un complexe Ac/ZZAg contenant un Ac spécifique d'un déterminant de surface de CPAg est mieux présenté aux cellules T que ZZAg libre ou complexé à un anticorps non-spécifique et qu'il est capable d'induire, chez l'animal, une réponse immunitaire en absence d'adjuvant. Le même principe de formation de complexes entre ZZDTR et des anticorps a donc été utilisé pour évaluer si la protéine de fusion qui possède la capacité à lier les HS peut ainsi voir sa capacité T-stimulante accrue lorsqu'elle interagit avec des anticorps capables de cibler des déterminants de surface de CPAgs.

Pour réaliser cette étude, trois anticorps monoclonaux de souris, de sous classe IgG2a, qui possèdent tous la capacité à lier ZZ, ont été sélectionnés. Le premier, appelé M $\alpha$ 2-3, décrit dans Trémeau *et al.*, FEBS Lett., 1986, 208, 236-240, est utilisé à titre de contrôle car il ne lie pas les CPAGs. Les deux autres anticorps sont  
5 spécifiques de déterminants de surface de CPAGs. Le premier, appelé 14-4-4S, reconnaît la molécule I-E<sup>d</sup> du CMH de classe II (Ozato *et al.*, J. Immunol., 1980, 122, 549). Le second, appelé 10-1.D.2, reconnaît l'antigène Lyb-2.1 qui est exprimé à la surface des lymphocytes B (numéro ATCC TIB-165).

Pour évaluer la capacité T-stimulante de ZZ-DTR en présence  
10 d'anticorps, ZZDTR est dilué en présence ou absence de 14-4-4S, 10-1.D.2, M $\alpha$ 2-3, respectivement. Les anticorps sont incubés à 50 nM final. Suite à ces dilutions, les composés sont incubés 3h à 4 °C puis des CPAGs sont ajoutées. Les CPAGs sont, d'une part, des cellules A20 (5 10<sup>4</sup>/50 $\mu$ l/puits), d'autre part, des splénocytes (5 10<sup>5</sup>/50 $\mu$ l/puits) de souris BALB/c. Après 2 h à 37°C, l'hybridome T4B6 (5  
15 10<sup>4</sup>/50 $\mu$ l/puits) est ajouté et le mélange est incubé 24 h à 37°C. La stimulation de la cellule T4B6 est ensuite évaluée par mesure de sa sécrétion d'interleukine 2. Cette mesure est réalisée à partir des surnageants de culture qui sont incubés sur une lignée CTL dont la pousse dépend la présence d'IL-2.

Comme on peut le voir sur la figure 11, en présence de cellules A20,  
20 ZZDTR-BD stimule T4B6. Des quantités de ZZDTR-BD approximativement 13,4 fois et 3, 8 fois inférieures sont requises pour atteindre le même niveau de stimulation lorsque la protéine de fusion est respectivement complexée à l'antiCMH (antiCMH/ZZDTR-BD) et à l'anti-Lyb-2.1 (antiLyb-2.1/ZZDTR-BD). L'accroissement de la capacité T-stimulante n'est pas dû au fait que l'antiCMH et  
25 l'antiLyb-2.1 soit des immunoglobulines de sous-classe 2a car l'effet n'est pas retrouvé lorsque ZZDTR-BD est complexé à une IgG2a non spécifique d'un déterminant de surface de CPAGs (IgG2a/ZZDTR-BD). Ces résultats démontrent donc que la capacité T-stimulante de ZZDTR-BD est accrue par ciblage des molécules de  
30 cellules A20 utilisées comme CPAGs.

En présence de splénocytes, ZZDTR-BD stimule T4B6. Des quantités de ZZDTR-BD approximativement 5,2 fois inférieures sont requises pour atteindre

le même niveau de stimulation lorsque la protéine de fusion est complexée à l'antiCMH (antiCMH/ZZDTR-BD). En revanche quand ZZDTR-BD est complexé à l'anticorps anti-Lyb-2.1 (antiLyb-2.1/ZZDTR-BD) la capacité T-stimulante est légèrement diminuée. L'accroissement de la capacité T-stimulante médié par l'antiCMH ainsi que la diminution de capacité T-stimulante médié par l'antiLyb-2.1 ne sont pas dus au fait que ces immunoglobulines soient de sous-classe 2a car l'effet n'est pas retrouvé lorsque ZZDTR-BD est complexé à une IgG2a non spécifique d'un déterminant de surface de CPAs (IgG2a/ZZDTR-BD). Ces résultats démontrent donc que la capacité T-stimulante de ZZDTR-BD est accrue par ciblage des molécules de CMH de classe II qui sont exprimées sélectivement à la surface des splénocytes.

**Exemple 7 : Deux Ags différents qui sont respectivement associés à un ligand des HS et à un anticorps capable de lier une protéine de surface des CPAs lient préférentiellement et de façon accrue les CPAs exprimant cette protéine de surface.**

Deux expériences de liaison à des splénocytes ont été réalisées pour évaluer si les Ags qui sont associés à un ligand des HS et à un anticorps spécifique d'une protéine de surface des CPAs sont capables de cibler préférentiellement des CPAs.

### **7.1. Etude de liaison aux splénocytes à l'aide du système protéique décrit dans l'exemple 3**

#### **7.1.1. Etude de la liaison en présence ou en absence du ligand des héparanes sulfates.**

La toxine alpha sauvage et la toxine alpha37-57 ont été préalablement incubées en présence ou en absence de l'anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha. Les mélanges ont ensuite été ajoutés à des splénocytes ( $5 \times 10^5/100\mu\text{l/puits}$ ) et incubés 30 minutes à 4 °C. Les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine. Après 30 minutes à 4 °C, les cellules ont été lavées et la liaison des complexes anti-toxine alpha/toxine alpha et anti-toxine alpha/toxine alpha37-57 a été évaluée par cytométrie de flux.

Comme on peut le voir sur la figure 12, les cellules incubées en présence de l'anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine présentent un faible niveau de fluorescence qui se traduit par une moyenne

géométrique de 3,6. Les splénocytes préalablement incubés avec le complexe alpha/antialpha présentent un niveau de fluorescence moyen qui est accru d'un facteur 2,75 (moyenne géométrique de 9,9). Enfin, les cellules pré-incubées avec le complexe alpha37-57/antialpha présentent un profil mixte. Une première population de cellule  
5 présente un faible marquage (moyenne géométrique de 4,44) qui est peu différent de celui des cellules incubées en absence de complexe. Une deuxième population fluoresce en revanche beaucoup plus fortement (moyenne géométrique de 232,1, intensité multipliée 64,5). Ces observations indiquent donc que le complexe alpha37-57/antialpha présente la particularité de se lier de façon accrue à une sous population  
10 de splénocytes.

#### 7.1.2. Détermination des sous-populations de splénocytes liées par le complexe anti-toxine alpha/toxine alpha37-57.

Pour déterminer la population de splénocytes liée par le complexe anti-toxine alpha/toxine alpha37-57, une quantité fixe de ce complexe (10 nM) a été  
15 incubée en présence ou en absence de splénocytes et de trois anticorps respectivement spécifiques des lymphocytes T CD4+ (antiCD4), des lymphocytes T CD8+ (antiCD8) et des lymphocytes B (antiCD19). Ces trois anticorps sont marqués à la phycoerythrine. Après 30 minutes à 4 °C, les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la fluorescéine. 30  
20 minutes plus tard, les cellules ont été lavées et analysées par cytométrie de flux.

Comme on peut le voir sur la figure 13, les splénocytes contiennent environ 14 % de lymphocytes T CD8+, et 6,4% de ces cellules sont liées par le complexe alpha37-57+antialpha. Les splénocytes contiennent environ 26 % de lymphocytes T CD4+, et 5,5% de ces cellules sont liées par le complexe. Les spléno-  
25 cytes contiennent environ 49 % de lymphocytes B et la quasi totalité de ces cellules est liée par le complexe. Comme les cellules B portent des récepteurs Fc alors que les cellules T CD4+ et T CD8+ en sont dépourvues, on peut donc conclure que le complexe alpha37-57/antialpha se lie préférentiellement et de façon accrue, aux lymphocytes B qui sont des CPAgs porteuses de récepteur Fc.

## 7.2. Etude de la liaison aux splénocytes à l'aide du système protéique 14-4-4S/ZZDTR-BD décrit dans l'exemple 5.

Pour déterminer la population de splénocytes liée par le complexe 14-4-4S/ZZDTR-BD, une quantité fixe de ce complexe (10 nM) a été incubée en présence ou en absence de splénocytes et des quatre anticorps respectivement spécifiques des lymphocytes T CD4+, des lymphocytes T CD8+, des lymphocytes B et des molécules de CMH de classe II I-Ad et I-Ed. Ces anticorps sont marqués à la fluorescéine. Après 30 minutes à 4°C, les cellules ont été lavées et incubées en présence d'un anticorps polyclonal anti-anticorps de lapin couplé à la phycoerythrine. 30 minutes plus tard, les cellules ont été lavées et analysées par cytométrie de flux.

Comme on peut le voir sur la figure 14, ZZDTR-BD interagit faiblement avec les lymphocytes TCD8+ (environ 12,4% des TCD8 sont marqués) et c'est aussi le cas du complexe 14-4-4/ZZDTR-BD (environ 13,3% des TCD8 sont marqués). ZZDTR-BD interagit faiblement avec les lymphocytes TCD4+ (environ 11,7% des TCD8 sont marqués) et c'est aussi le cas du complexe 14-4-4/ZZDTR-BD (environ 11% des TCD8 sont marqués). ZZDTR-BD interagit plus fortement avec les lymphocytes B (environ 50% des lymphocytes B sont marqués) et c'est aussi le cas du complexe 14-4-4/ZZDTR-BD (environ 68,5% des TCD8 sont marqués). L'anticorps de ciblage permet donc une augmentation de 37% du nombre de cellules B liées par ZZDTR-BD. Or les cellules B sont des CPAgs porteuses des molécules du CMH de classe II. Donc le complexe moléculaire 14-4-4S/ZZDTR-BD se lie préférentiellement aux CPAgs exprimant des molécules du CMH de classe II.

**Exemple 8 : Un composé possédant la capacité à cibler les HS et une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAgs (14-4-4S/ZZDTR-BD) est capable d'induire une réponse immunitaire supérieure à celle induite par un composé qui possède la capacité à cibler une plus large variété de cellules (M $\alpha$ 2-3/ZZDTR-BD).**

Pour évaluer si le ciblage des HS et d'un récepteur exprimé spécifiquement à la surface des CPAgs est capable d'induire une réponse immunitaire accrue « *in vivo* », l'immunogénicité de ZZDTR-BD lorsqu'il est complexé à l'anticorps 14-4-4S, qui cible les CPAgs exprimant les molécules de classe II, et lorsqu'il est complexé à un anticorps contrôle de même isotype (IgG2a), a été comparée.

Avant l'injection, la protéine de fusion ZZDTR-BD et les deux Acs ont été dilués en milieu HBSS. ZZDTR-BD a ensuite été incubée pendant une heure à température ambiante en présence de quantités équimolaires de l'anti-CMH ou de l'IgG2a contrôle. Deux groupes de quatre souris ont ensuite été injectés en absence  
5 d'adjuvant (0,01 nmole de complexe/souris/100µl) avec le complexe antiCMH/ZZDTR-BD ou avec le complexe IgG2a/ZZDTR-BD, respectivement. Quarante cinq jours après l'injection, le sang des animaux a été prélevé et les sérums ont été poolés. La présence d'anticorps anti-toxine diphtérique a ensuite été évaluée par dosage immunoenzymatique à l'aide de plaques de microtitration qui ont préala-  
10 blement été adsorbées avec un mutant non-toxique de la toxine diphtérique, appelé CRM197, décrite dans Uchida *et al.*, Science, 1972, 175, 901-903 (0,1 µg de CRM197/puits/100µl PBS). Pour réaliser cette évaluation, les deux sérums poolés ont été respectivement dilués et incubés une nuit à 4°C dans les plaques de microtitration. Les plaques ont ensuite été lavées puis incubées en présence d'un anticorps de chèvre  
15 anti-IgG de souris couplé à la peroxydase. Après 30 minutes, les plaques ont été lavées, un substrat (ABTS) a été ajouté, et la coloration a été mesurée à 414 nm après 30 minutes d'incubation supplémentaire. A partir de ces mesures, les titres en anticorps sont définis comme la dilution de sérum conduisant à une DO de 0,6.

Comme on peut le voir sur la figure 15, un titre de 1/3400 est mesuré  
20 pour le sérum issu de l'immunisation avec le complexe IgG2a/ZZDTR-BD ce qui indique que ce complexe est capable d'induire une réponse en anticorps anti-toxine diphtérique en absence d'adjuvant. Ce titre est cependant inférieur à celui mesuré pour le sérum issu de l'immunisation avec le complexe antiCMH/ZZDTR-BD (1/12000) ce qui indique que le ciblage des molécules de CMH de classe II permet d'accroître la  
25 réponse immunitaire humorale induite contre le complexe.

**Exemple 9: Un composé possédant la capacité à cibler les HS, une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAgs et un épitope TCD8+ est capable d'induire une réponse immunitaire supérieure à un composé qui ne cible que les HS.**

30 Pour évaluer si le double ciblage permet aussi d'augmenter la capacité à stimuler des cellules TCD8+ cytotoxiques plusieurs protéines de fusion ont été construites. La première protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison

aux immunoglobulines (SEQ ID NO: 3), un épitope TCD8<sup>+</sup> de séquence SIINFEKL (SEQ ID NO : 10) qui est issu de l'ovalbumine (les séquences flanquantes LEQLE (SEQ ID NO: 11) et TEWTS (SEQ ID NO: 12) sont respectivement insérées en N- et C-terminal de cet épitope), un épitope TCD4<sup>+</sup> de séquence SYKKVWRDHRGTI (SEQ ID NO: 13), le fragment Tat22-57<sub>C(22-37)</sub>S qui contient la région de Tat capable de se lier aux héparanes sulfates. La deuxième protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison aux immunoglobulines (SEQ ID NO: 3), un épitope TCD8<sup>+</sup> de séquence SIINFEKL (SEQ ID NO : 10) qui est issu de l'ovalbumine (les séquences flanquantes LEQLE(SEQ ID NO: 11) et TEWTS (SEQ ID NO: 12) sont respectivement insérées en N- et C-terminal de cet épitope), un épitope TCD4<sup>+</sup> de séquence SYKKVWRDHRGTI (SEQ ID NO: 13). La troisième protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison aux immunoglobulines (SEQ ID NO: 3), l'ovalbumine, le fragment Tat22-57<sub>C(22-37)</sub>S qui contient la région de Tat capable de se lier aux héparanes sulfates. La quatrième protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison aux immunoglobulines et l'ovalbumine. L'ovalbumine est utilisée en contrôle. Ces protéines de fusion ont été utilisées libres ou complexées soit à l'anticorps monoclonal AF6-120.1 spécifique de la molécule de CMH de classe II I-Ab (# 553549; BECTON-DICKINSON BIOSCIENCES), soit à un anticorps monoclonal non spécifique mais de même sous-classe (IgG2a) que AF6-120.1, soit à un anticorps polyclonal de lapin antiIgG de souris, soit à un anticorps de lapin non spécifique. La formation des complexes a été réalisée dans des conditions identiques à celles décrites dans le sixième exemple.

Pour évaluer la capacité stimulante des différents composés, l'hybridome B3Z qui reconnaît l'épitope T de séquence SIINFEKL en association avec les molécules de classe I de type I-A<sup>b</sup>, a été utilisé. Alternativement, des splénocytes issus de souris OTI qui contiennent des cellules T CD8<sup>+</sup> qui reconnaissent aussi l'épitope SIINFEKL, ont été utilisés. Pour l'évaluation de la stimulation de l'hybridome B3Z, les protéines de fusion (antigènes) ont été incubées en présence ou en absence de chacun des quatre anticorps décrits précédemment. Les mélanges ont été ajoutés à des CPAGs. Les CPAGs sont, d'une part, une lignée de cellules dendritiques (5 10<sup>4</sup>/50µl/puits), d'autre part, des splénocytes (5 10<sup>5</sup>/50µl/puits) de souris C57Bl/6.

Pour l'évaluation de la stimulation de l'hybridome B3Z, les antigènes (Ags) ont été incubés 2 h à 37 °C en présence de CPAGs, les cellules B3Z (5 10<sup>4</sup>/50µl/puits) ont été ajoutées et les mélanges incubés 24 h à 37 °C. La stimulation de la cellule B3Z est ensuite évaluée soit par mesure de la sécrétion d'interleukine 2, soit par mesure de l'expression du gène Lac Z qui code pour la β-galactosidase. La mesure de sécrétion d'IL-2 est réalisée à partir des surnageants de culture qui sont ensuite incubés sur une lignée CTL dont la croissance dépend de la présence d'IL-2. La mesure de l'activité β-galactosidase est réalisée en utilisant le chlorophenolred-β-D-galactopyranoside comme substrat.

Pour l'évaluation de la stimulation des cellules OTI, les Ags ont été incubés 5 h à 37 °C en présence des cellules dendritiques JAWSII. Les cellules ont ensuite été fixées à l'aide de glutaraldéhyde puis des splénocytes de souris OTI (5 10<sup>5</sup>/50µl/puits) ont été ajoutés et les mélanges incubés pendant 3 jours à 37 °C. De la thymidine tritiée a ensuite été ajoutée (1µCi/pts). Après 18 heures d'incubation à 37°C, les cellules ont été prélevées et la radioactivité incorporée aux cellules a été mesurée afin d'évaluer la prolifération des cellules OTI.

**Exemple 10:** Un composé possédant la capacité à cibler les HS, une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAGs et un Ag est capable d'induire une réponse immunitaire supérieure « *in vivo* » à un composé qui contient le même Ag mais ne cible que la molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAGs.

Pour évaluer si le double ciblage permet aussi d'augmenter la réponse immunitaire « *in vivo* » plusieurs protéines de fusion ont été construites. La première protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison aux immunoglobulines (SEQ ID NO: 3), un épitope TCD8<sup>+</sup> de séquence SIINFEKL (SEQ ID NO : 10) qui est issu de l'ovalbumine (les séquences flanquantes LEQLE (SEQ ID NO: 11) et TEWTS (SEQ ID NO: 12) sont respectivement insérées en N- et C-terminal de cet épitope), un épitope TCD4<sup>+</sup> de séquence SYKKVWRDHRGTI (SEQ ID NO: 13), le fragment Tat<sub>22-57</sub><sub>C(22-37)</sub><sub>S</sub> qui contient la région de Tat capable de se lier aux héparanes sulfates. La deuxième protéine de fusion contient le double domaine ZZ (SEQ ID NO: 3) de liaison aux immunoglobulines, un épitope TCD8<sup>+</sup> de séquence SIINFEKL (SEQ ID NO : 10) qui est issu de l'ovalbumine (les séquences

flanquantes LEQLE (SEQ ID NO: 11) et TEWTS (SEQ ID NO: 12) sont respectivement insérées en N- et C-terminal de cet épitope), un épitope TCD4+ de séquence SYKKVWRDHRGTI (SEQ ID NO: 13). La troisième protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison aux immunoglobulines (SEQ ID NO: 3), l'ovalbumine, le fragment Tat22-57<sub>C(22-37)</sub>S qui contient la région de Tat capable de se lier aux héparanes sulfates. La quatrième protéine de fusion contient le double domaine ZZ de liaison aux immunoglobulines (SEQ ID NO: 3) et l'ovalbumine. L'ovalbumine est utilisée en contrôle. Ces protéines de fusion ont été utilisées libres ou complexées soit à l'anticorps monoclonal AF6-120.1 spécifique de la molécule de CMH de classe II I-Ab (# 553549; BECTON-DICKINSON BIOSCIENCES), soit à un anticorps monoclonal non spécifique mais de même sous-classe (IgG2a) que AF6-120.1, soit à un anticorps polyclonal de lapin antiIgG de souris, soit à un anticorps de lapin non spécifique. La formation des complexes a été réalisée dans des conditions identiques à celles décrites dans le sixième exemple.

Pour évaluer la réponse immunitaire chez l'animal, les différents mélanges ont été injectés, en présence ou en absence d'adjuvant, chez la souris (6 animaux par groupe). Quatorze jours après la deuxième immunisation, le sang des animaux a été prélevé pour évaluer la réponse humorale. Les animaux ont ensuite été sacrifiés et leur rate a été prélevée pour évaluer la réponse cellulaire. La réponse humorale a été évaluée par dosage immunoenzymatique des anticorps anti-ovalbumine. Pour évaluer la réponse cellulaire, la présence de lymphocytes T spécifiques a été déterminée par comptage des cellules sécrétrices d'interféron gamma ou d'IL-4 à l'aide d'un test ELISPOT selon le protocole décrit dans Turbant *et al.*, Vaccine, 2009, 27, 5349-56.

**Exemple 11: Un composé possédant la capacité à cibler les HS et une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAGs est capable d'induire une réponse immunitaire cytotoxique supérieure à un composé qui ne cible que les HS ou que la molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAGs.**

Pour évaluer si le double ciblage permet d'augmenter la capacité à stimuler des cellules TCD8+ cytotoxiques deux protéines chimériques ont été synthétisées chimiquement. La première protéine, appelée Tat47-57-SIINFEKL-alpha, contient la séquence de la toxine alpha de *Naja nigricollis* (SEQ ID NO: 9), un épitope

TCD8+ de séquence SIINFEKL (SEQ ID NO : 10) qui est issu de l'ovalbumine (les séquences flanquantes LEQLE (SEQ ID NO: 11) et TEWTS (SEQ ID NO: 12) sont respectivement insérées en N- et C-terminal de cet épitope), le fragment Tat47-57 (SEQ ID NO :14) qui contient la région de Tat capable de se lier aux héparanes sulfates. La seconde protéine, appelée SIINFEKL-alpha, contient la séquence de la toxine alpha de *Naja nigricollis* (SEQ ID NO: 9), un épitope TCD8+ de séquence SIINFEKL (SEQ ID NO : 10) qui est issu de l'ovalbumine (les séquences flanquantes LEQLE (SEQ ID NO: 11) et TEWTS (SEQ ID NO: 12) sont respectivement insérées en N- et C-terminal de cet épitope). Ces deux protéines ont été utilisées libres ou complexées à l'anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha, appelé anti-alpha, décrit dans l'exemple 3. La formation des complexes a été réalisée par incubation une nuit à 4°C.

Pour évaluer la capacité stimulante des deux composés, des splénocytes de souris OTI ont été utilisés. Ces splénocytes contiennent des lymphocytes TCD8+ qui reconnaissent l'épitope T, de séquence SIINFEKL, en association avec les molécules de classe I de type I-A<sup>b</sup>. Les deux protéines (dilution 1µM final) complexées ou non complexées à l'anticorps (50nM) ont été respectivement incubées dans des plaques de culture cellulaire en présence d'une lignée de cellules dendritiques utilisée comme CPAg. Cette lignée, appelée JAWSII, a été incubée à raison de 3 10<sup>4</sup>/50µl/puits. Après 5 h à 37 °C, les plaques ont été lavées et les cellules ont été fixées à l'aide de glutaraldéhyde. Après fixation, des splénocytes de souris OTI ont été ajoutés (9 10<sup>4</sup>/50µl/puits). Après 4 jours d'incubation à 37 °C, une solution de thymidine tritiée a été ajoutée (1µCi/25µl/puits) et les plaques ont été incubées pendant 18 heures à 37°C. Les cellules ont ensuite été prélevées et la radioactivité a été mesurée pour évaluer la prolifération cellulaire. Comme on peut le voir sur la figure 16, le composé SIINFEKL-alpha libre est capable d'induire la prolifération des cellules T-CD8+. En présence d'une concentration fixe d'anti-alpha (50nM final), SIINFEKL-alpha stimule plus fortement les cellules OTI ce qui indique que le ciblage médié par les récepteurs Fcγ permet aussi d'augmenter la présentation croisée, comme cela avait été observé précédemment pour d'autres antigènes (Regnault, J. Exp. Med., 1999, 371-380). Un accroissement de la stimulation des cellules OTI est aussi observé pour le composé Tat47-57-SIINFEKL-alpha ce qui

indique que le ciblage médié par liaison aux HS permet d'accroître la présentation croisée. L'accroissement le plus important de la stimulation des cellules OTI est cependant observé lorsque Tat47-57-SIINFEKL-alpha est complexé avec l'anticorps anti-alpha ce qui indique que le ciblage médié conjointement par les HS et les récepteurs Fc procure un effet synergique sur la présentation croisée de la protéine antigénique.

**Exemple 12: Un composé possédant la capacité à cibler les HS et une molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAs accroît plus fortement l'expression des molécules de co-stimulation CD80 et CD86 que les composés qui ne ciblent que les HS ou que la molécule exprimée spécifiquement à la surface des CPAs.**

La capacité de présentation des antigènes représente un aspect crucial dans la mise en place d'une réponse immunitaire adaptative. Cependant, la mise en place de cette réponse requiert aussi l'activation des cellules présentatrices de l'antigène (CPAs). C'est pourquoi la capacité des complexes moléculaires de ciblage d'activer des CPAs a été évaluée. Pour évaluer cet aspect, laptitude du complexe moléculaire de ciblage décrit dans l'exemple 11 à augmenter l'expression des molécules de co-stimulation CD80 et CD86 par les CPAs JAWSII, décrites précédemment, a été analysée. Les protéines chimériques et anticorps utilisés pour réaliser cette évaluation sont celles décrites dans l'exemple 11. Les deux protéines ont été utilisées libres ou complexées à l'anticorps polyclonal de lapin anti-toxine alpha. La formation des complexes a été réalisée par incubation une nuit à 4°C. La toxine alpha sauvage a aussi été utilisée, à titre de contrôle.

Les deux protéines (1µM final) complexées ou non complexées à l'anticorps (25nM final) ont été respectivement diluées et incubées dans des plaques de culture cellulaire en présence de la lignée JAWSII ( $5 \cdot 10^5$ /100µl/puits) pendant 24 heures à 37°C. Les cellules ont ensuite été lavées et incubées 30 minutes à 4°C en présence d'anticorps anti-CD80 marqué à la fluorescéine et anti-CD86 marqué à la fluorescéine, respectivement. La liaison des anticorps aux cellules a enfin été analysée par cytométrie de flux. Comme on peut le voir sur la figure 17A, lorsque les cellules ont été incubées en présence de SIINFEKL-alpha, la molécule CD80 est exprimée à la surface des CPAs. L'expression de la molécule CD80 est accrue lorsque les JAWSII

ont été incubées avec Tat47-57-SIINFEKL-alpha ou avec le complexe SIINFEKL-alpha/anti-alpha. L'expression de CD80 est cependant plus fortement accrue pour le complexe Tat47-57-SIINFEKL-alpha/anti-alpha ce qui indique que le complexe moléculaire de ciblage procure une synergie d'effet. Le même comportement est observé pour la molécule CD86 (cf figure 17B). Ainsi, lorsque les cellules ont été incubées en présence de SIINFEKL-alpha, la molécule CD86 est exprimée à la surface des CPAs. L'expression de la molécule CD86 est accrue lorsque les JAWSII ont été incubées avec Tat47-57-SIINFEKL-alpha ou avec le complexe SIINFEKL-alpha/anti-alpha. L'expression de CD86 est cependant plus fortement accrue pour le complexe Tat47-57-SIINFEKL-alpha/antialpha ce qui indique que le complexe moléculaire de ciblage procure une synergie d'effet.

Cet exemple qui démontre l'effet synergique sur l'expression des molécules de co-stimulation CD80 et CD86, indique donc que le complexe moléculaire de ciblage provoque une activation des cellules présentatrices de l'Ag.

**REVENDICATIONS**

1°) Complexe moléculaire, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un antigène associé à au moins deux ligands de molécules de surface de cellules présentatrices d'antigène, ledit complexe comprenant au moins un premier ligand d'un  
5 sucre sulfaté de la famille des glycosaminoglycanes et un second ligand d'une molécule de surface spécifique des cellules présentatrices d'antigène, et ledit premier ligand étant lié de façon covalente audit antigène et/ou audit second ligand.

2°) Complexe moléculaire selon la revendication 1, caractérisé en ce que ledit antigène est un antigène spécifique d'un agent pathogène ou d'une tumeur.

10 3°) Complexe moléculaire selon la revendication 1 ou la revendication 2, caractérisé en ce que ledit sucre sulfaté de la famille des glycosaminoglycanes est sélectionné dans le groupe constitué par: les héparanes sulfates, les chondroïtines sulfates, les dermatanes sulfates, et les kératanes sulfates.

15 4°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, caractérisé en ce que la molécule de surface exprimée essentiellement sur les cellules présentatrices d'antigène est sélectionnée dans le groupe constitué par : les molécules du CMH de classe II, les récepteurs des lectines de type C, les immunoglobulines membranaires, et les récepteurs pour la région constante des immunoglobulines.

20 5°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisé en ce que le premier ligand est un peptide sélectionné dans le groupe constitué par : un fragment de la protéine Tat du VIH, comprenant au moins la région basique Tat 49-57, tel que les peptides Tat 49-57 (SEQ ID NO: 1) et Tat 37-57 (SEQ ID NO : 7), un peptide polyarginine R7 à R11, et un peptide comprenant le  
25 domaine R de la toxine diphtérique (SEQ ID NO : 6).

6°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, caractérisé en ce que le deuxième ligand est sélectionné dans le groupe constitué par : (i) les anticorps dirigés contre lesdites molécules de surface exprimées essentiellement sur les cellules présentatrices d'antigène et leurs fragments contenant  
30 au moins le paratope tels que les fragments Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub>, Fv, scFv, Fabc et Fab avec au moins une portion du domaine Fc (ii) les anticorps non-spécifiques ou spéci-

fiques dudit antigène et leurs fragments comprenant au moins la région Fc, et (iii) les protéines et les fragments de protéines qui lient la région Fc et/ou Fab des anticorps.

7°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 1 à 6, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine de fusion ou un conjugué covalent du premier ligand avec l'antigène et/ou le deuxième ligand, et éventuellement un élément de liaison lié de façon covalente à l'antigène, au deuxième ligand, au conjugué ou à la protéine de fusion antigène-premier ligand, ou au conjugué ou à la protéine de fusion premier ligand-second ligand.

8°) Complexe moléculaire selon la revendication 6 ou 7, caractérisé en ce que lorsque le deuxième ligand est un anticorps ou un fragment d'anticorps tel que défini en i) ou ii) de la revendication 6, il comprend également un élément de liaison constitué par une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps.

9°) Complexe moléculaire selon la revendication 6 ou la revendication 8, caractérisé en ce que ladite protéine ou fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps est sélectionnée dans le groupe constitué par la protéine A de *Staphylococcus aureus*, son fragment BB (SEQ ID NO: 4) et son dérivé ZZ (SEQ ID NO: 3).

10°) Complexe moléculaire selon la revendication 5 ou 6, caractérisé en ce qu'il comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à un peptide tel que défini à la revendication 5 (premier ligand), (ii) un anticorps dirigé contre ledit antigène (deuxième ligand), et éventuellement une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *Staphylococcus aureus*.

11°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 5 à 9, caractérisé en ce qu'il comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab et/ou Fc des anticorps, de préférence uniquement la région Fab, tels que la protéine A de *S. aureus* et son fragment BB (élément de liaison), (ii) un anticorps, de préférence une IgG, ou un fragment dudit anticorps comprenant au moins la région Fc (deuxième ligand), lié de façon covalente à un peptide tel que défini à la revendication 5 (premier ligand), et

éventuellement la protéine A de *S.aureus*, lorsque l'antigène n'est pas déjà lié de façon covalente à celle-ci.

12°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 5 à 9, caractérisé en ce qu'il comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à un peptide tel que défini à la revendication 5 (premier ligand), et à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps, de préférence uniquement la région Fab, tels que la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son fragment BB (deuxième ligand ou élément de liaison), et lorsque ladite protéine ou ledit fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps, est un élément de liaison, ledit complexe comprend également (ii) un anticorps, de préférence une IgG, ou un fragment dudit anticorps comprenant au moins la région Fc (deuxième ligand), et éventuellement une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fab des anticorps telle que la protéine A de *S.aureus*, lorsque l'antigène n'est pas déjà lié de façon covalente à celle-ci.

13°) Complexe moléculaire selon la revendication 5 ou 6, caractérisé en ce qu'il comprend un antigène lié de façon covalente à un peptide tel que défini à la revendication 5 (premier ligand), et à un anticorps sélectionné dans le groupe constitué par un anticorps anti-CMH de classe II, un anticorps anti-RFcgamma et un anticorps anti-DEC-205, ou bien à un fragment des anticorps précédents comprenant au moins le paratope (deuxième ligand).

14°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 5 à 9, caractérisé en ce qu'il comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à un peptide tel que défini à la revendication 5 (premier ligand) et à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps tels que le fragment BB de la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son dérivé ZZ (élément de liaison), et (ii) un anticorps sélectionné dans le groupe constitué par un anticorps anti-CMH de classe II, un anticorps anti-RFcgamma, et un anticorps anti-DEC-205, ou un fragment des anticorps précédents comprenant au moins le paratope (deuxième ligand).

15°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 5 à 9, caractérisé en ce qu'il comprend : (i) un antigène lié de façon covalente à une protéine ou un fragment de protéine qui lie la région Fc et/ou Fab des anticorps tels que le fragment BB de la protéine A de *Staphylococcus aureus* et son dérivé ZZ

(élément de liaison), et (ii) un anticorps sélectionné dans le groupe constitué par un anticorps anti-CMH de classe II, un anticorps anti-RFcgamma et un anticorps anti-DEC-205, ou un fragment des anticorps précédents comprenant au moins le paratope (deuxième ligand), lié de façon covalente à un peptide tel que défini à la revendication 5 (premier ligand).

16°) Polynucléotide ou construction polynucléotidique isolés ou mélange de polynucléotides ou de constructions polynucléotidiques, sélectionnés dans le groupe constitué par :

a) un polynucléotide isolé comprenant une séquence codant pour une protéine de fusion comprenant au moins les séquences codantes de l'antigène, du premier et du second ligand tels que définis à l'une quelconque des revendications 1, 2, 5, 6 et 10 à 15, fusionnées en phase de façon appropriée,

b) un mélange de polynucléotides comprenant au moins un premier polynucléotide comprenant une séquence codant pour une protéine de fusion comprenant au moins les séquences codantes de l'antigène et du premier ligand tels que définis à l'une quelconque des revendications 1, 2, 5 et 10 à 15, fusionnées en phase de façon appropriée et un second polynucléotide comprenant une séquence codant pour le deuxième ligand tel que défini à l'une quelconque des revendications 1, 6 et 10 à 15, ledit premier ou second nucléotide comprenant également une séquence codant pour un élément de liaison tel que défini à l'une quelconque des revendications 7 à 9,

c) un mélange de polynucléotides comprenant un premier polynucléotide comprenant une séquence codant pour une protéine de fusion comprenant au moins les séquences codantes du premier et du second ligand tels que définis à l'une quelconque des revendications 1, 5, 6 et 10 à 15, fusionnées en phase de façon appropriée et un second polynucléotide comprenant une séquence codant pour l'antigène tel que défini à la revendication 1 ou 2, ledit premier ou second nucléotide comprenant également une séquence codant pour un élément de liaison tel que défini à l'une quelconque des revendications 7 à 9,

d) une construction polynucléotide isolée ou un mélange de constructions polynucléotidiques comprenant au moins le polynucléotide tel que défini en a) ou les deux polynucléotides tels que définis en b) ou c), liés de façon opérationnelle à des séquences régulatrices de la transcription et/ou de la traduction appropriées pour

l'expression du premier ligand, de l'antigène et/ou du second ligand dans des cellules hôtes.

5 17°) Vecteur recombinant isolé ou mélange de vecteurs recombinants, comprenant les séquences codant pour l'antigène, le premier et le second ligand tels que définis à l'une quelconque des revendications 1, 2, 5, 6 et 10 à 15, insérées dans un polynucléotide ou une construction polynucléotidique isolés, ou un mélange de polynucléotides ou de constructions polynucléotidiques, selon la revendication 16.

10 18°) Vecteur recombinant ou mélange de vecteurs recombinants selon la revendication 17, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un plasmide d'expression ou d'un mélange de plasmides d'expression.

15 19°) Composition immunogène ou vaccinale, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 1 à 15, un polynucléotide ou une construction polynucléotidique isolés ou un mélange de polynucléotides ou de constructions polynucléotidiques selon la revendication 16, et/ou un plasmide d'expression ou un mélange de plasmides d'expressions tel que défini à la revendication 18, et un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

20 20°) Complexe moléculaire selon l'une quelconque des revendications 1 à 15, polynucléotide ou une construction polynucléotidique isolés ou mélange de polynucléotides ou de constructions polynucléotidiques selon la revendication 16, et/ou plasmide d'expression ou mélange de plasmides d'expressions tel que défini à la revendication 18, comme vaccin pour la prévention ou le traitement d'une maladie infectieuse ou d'un cancer.



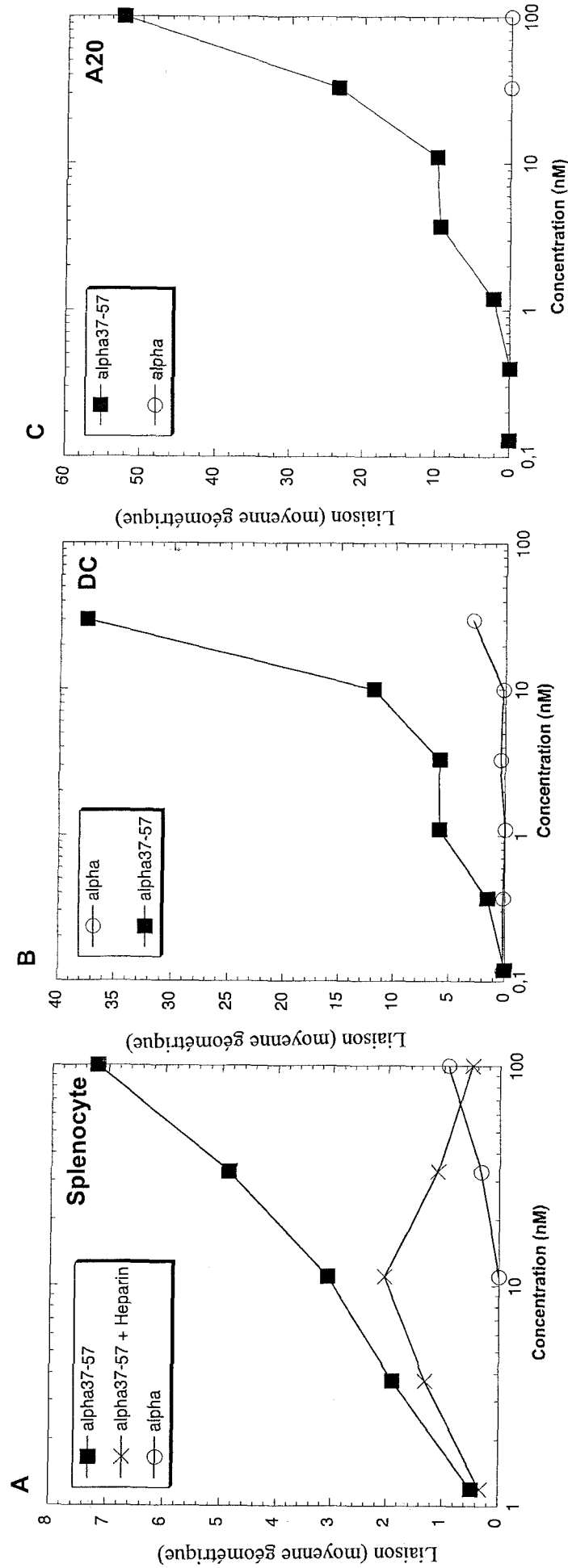


FIGURE 2

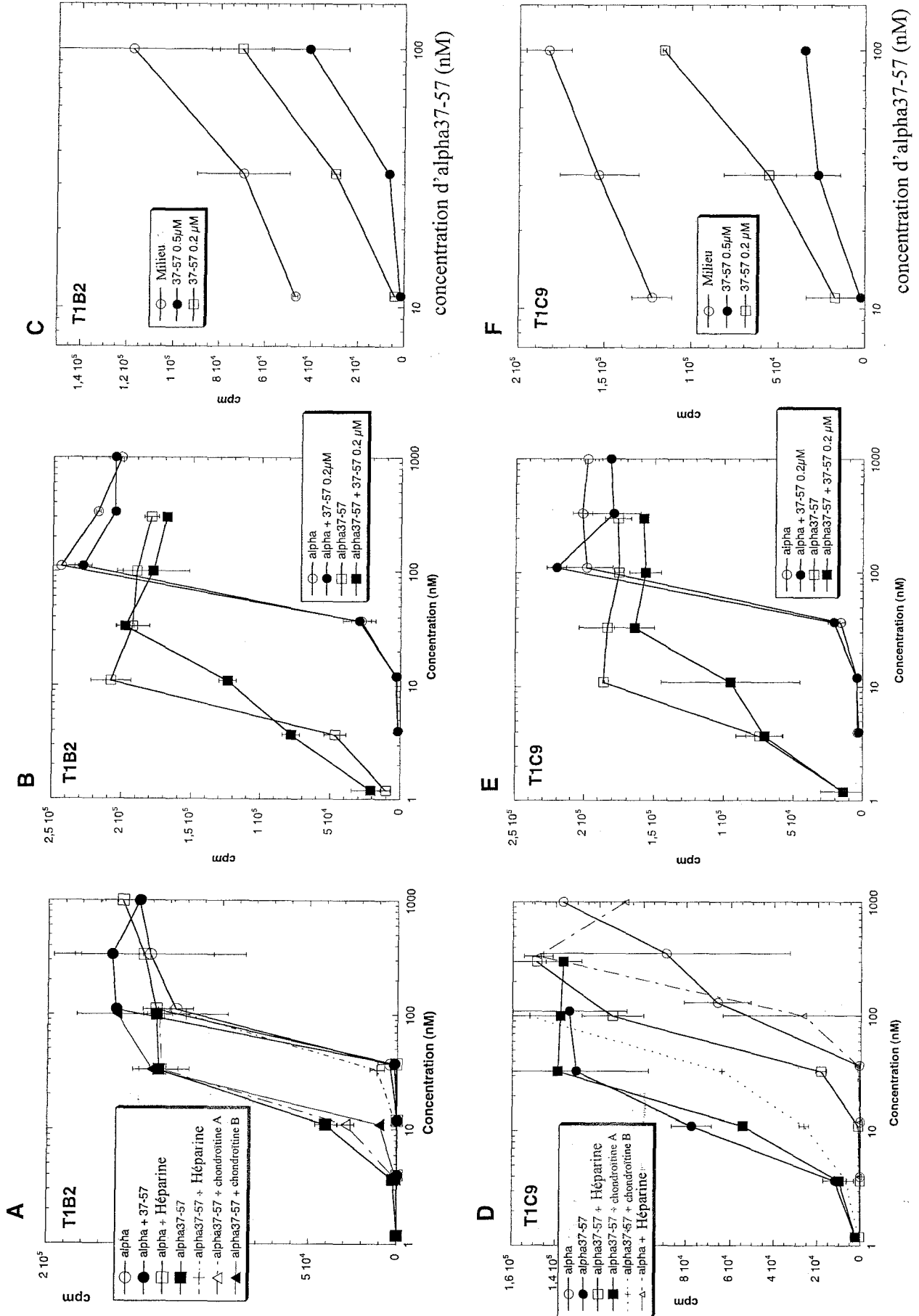


FIGURE 3

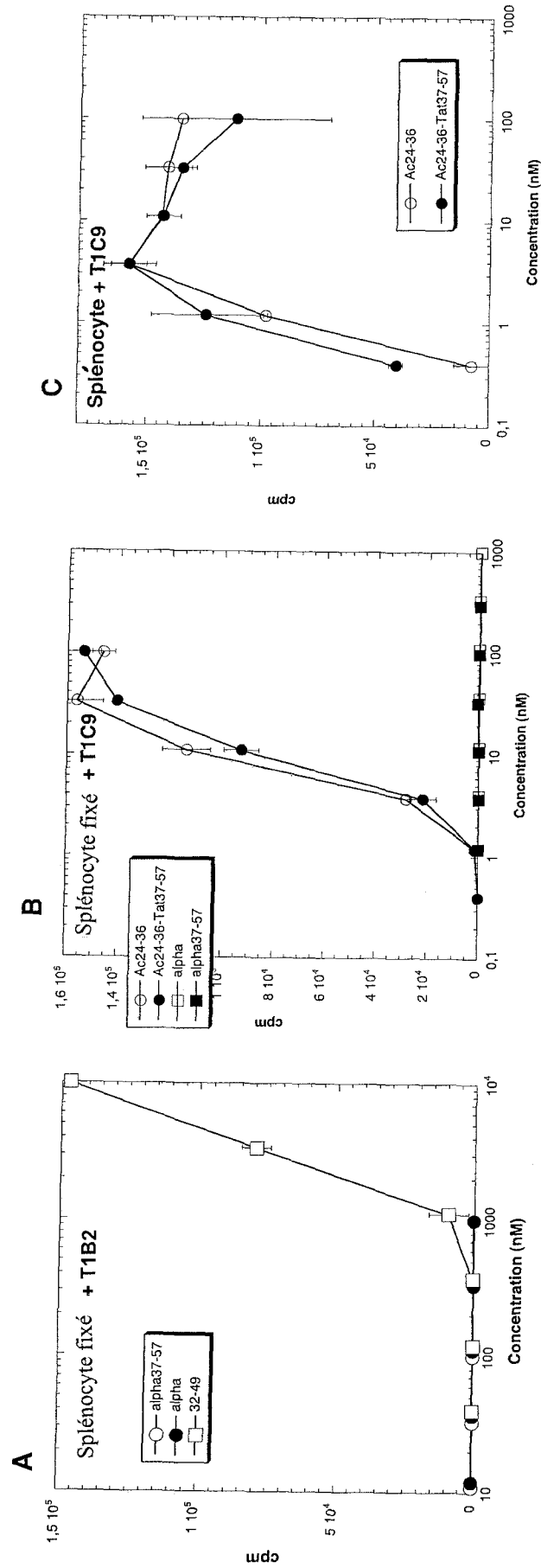


FIGURE 4



6/17

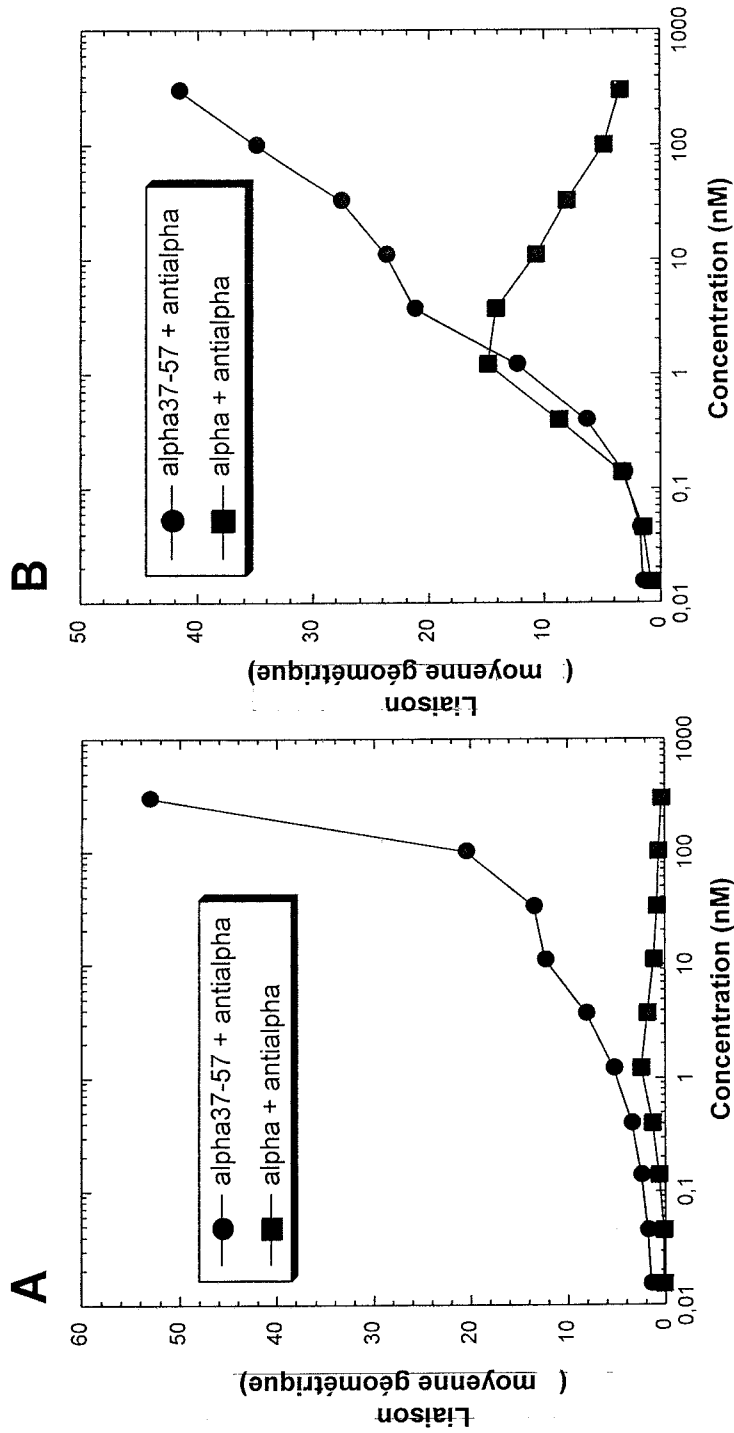


FIGURE 6

7/17

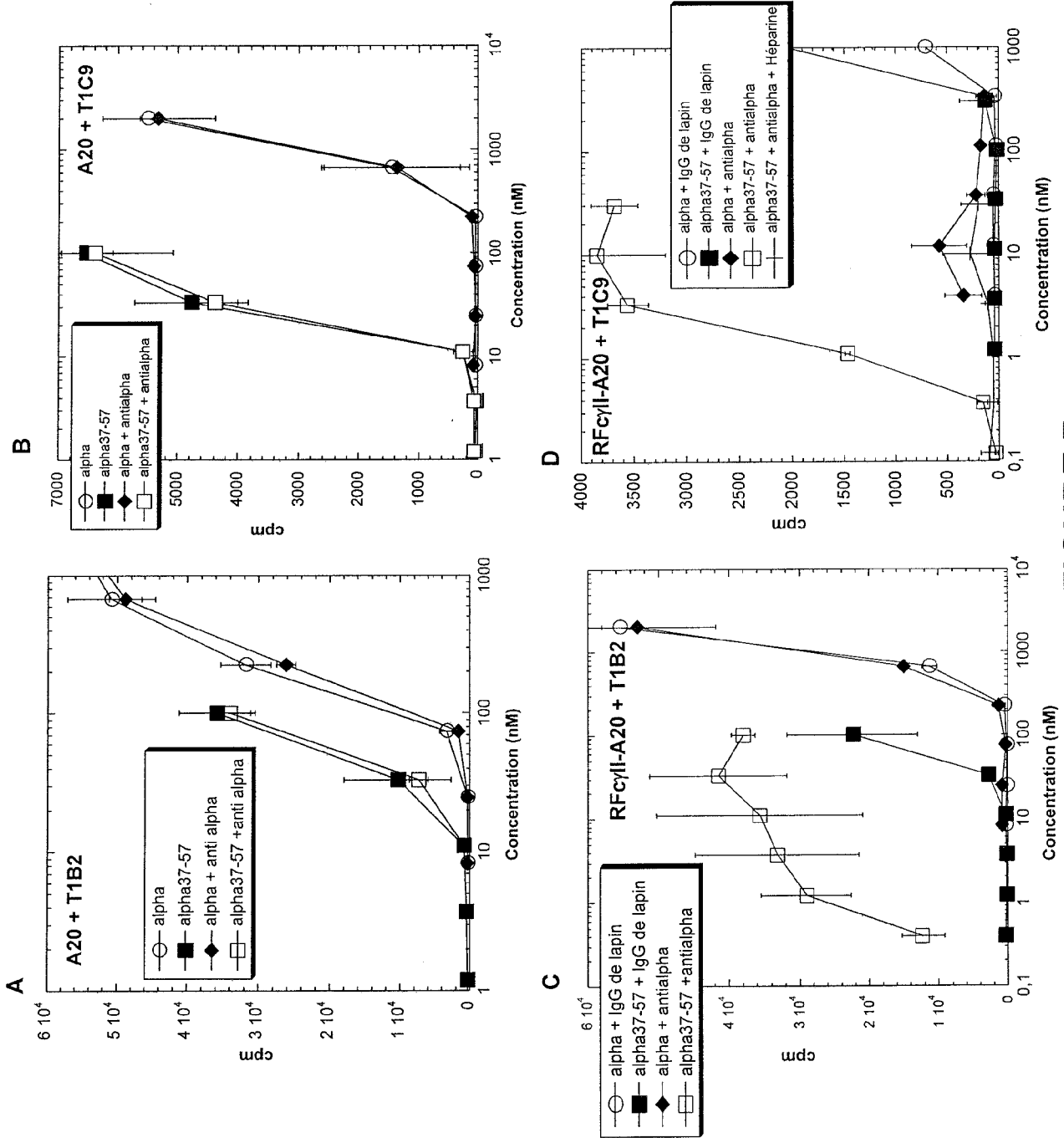


FIGURE 7

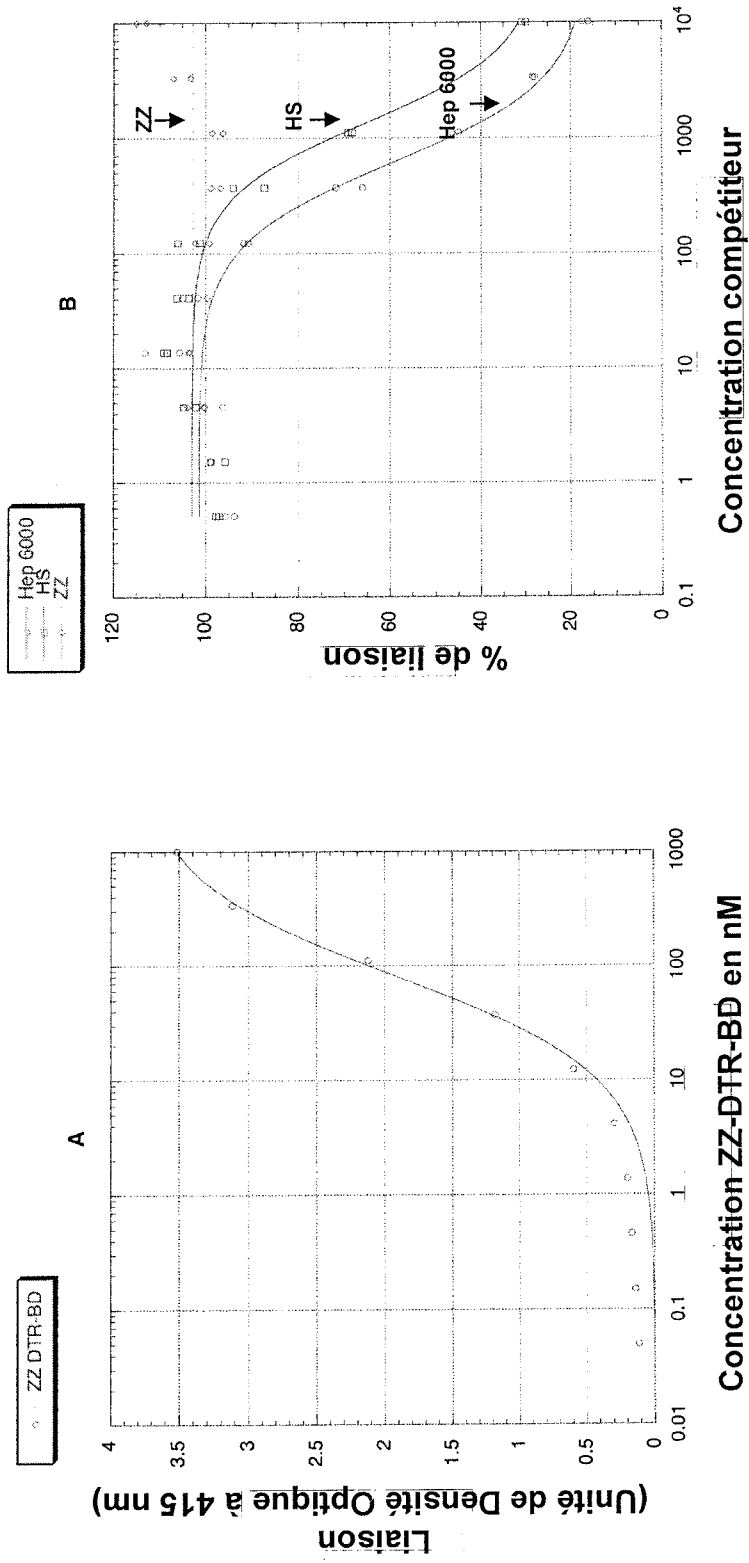


FIGURE 8

9/17

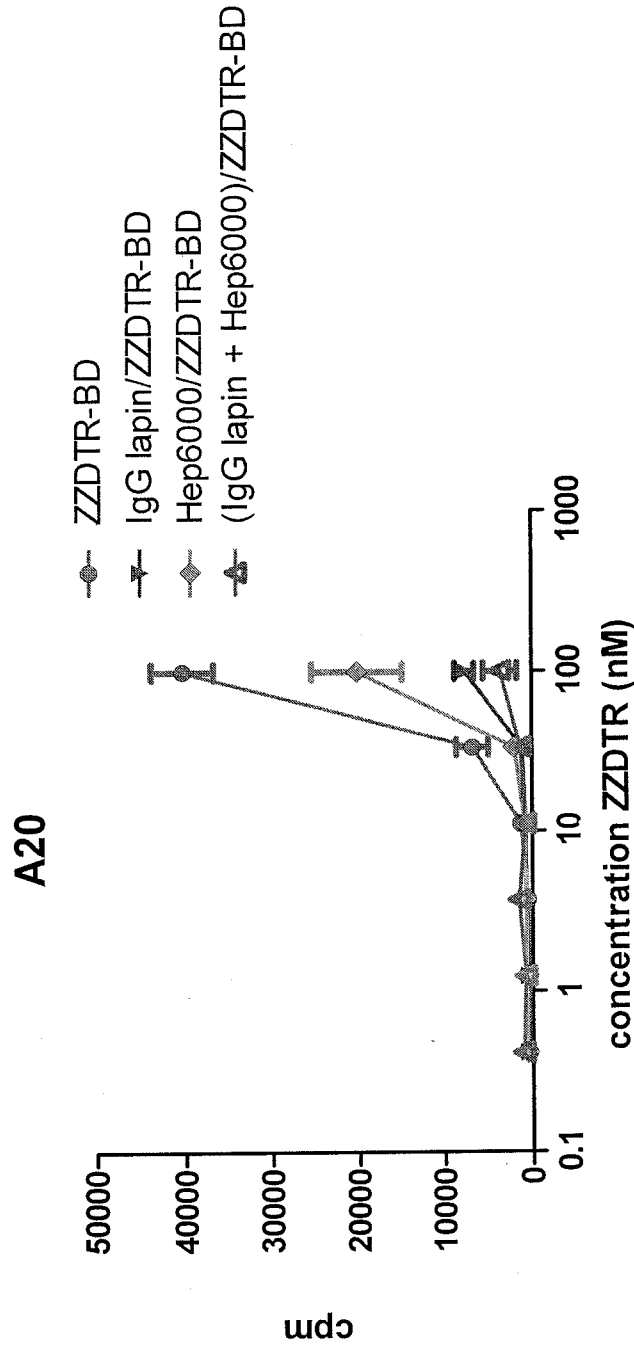


FIGURE 9

10/17

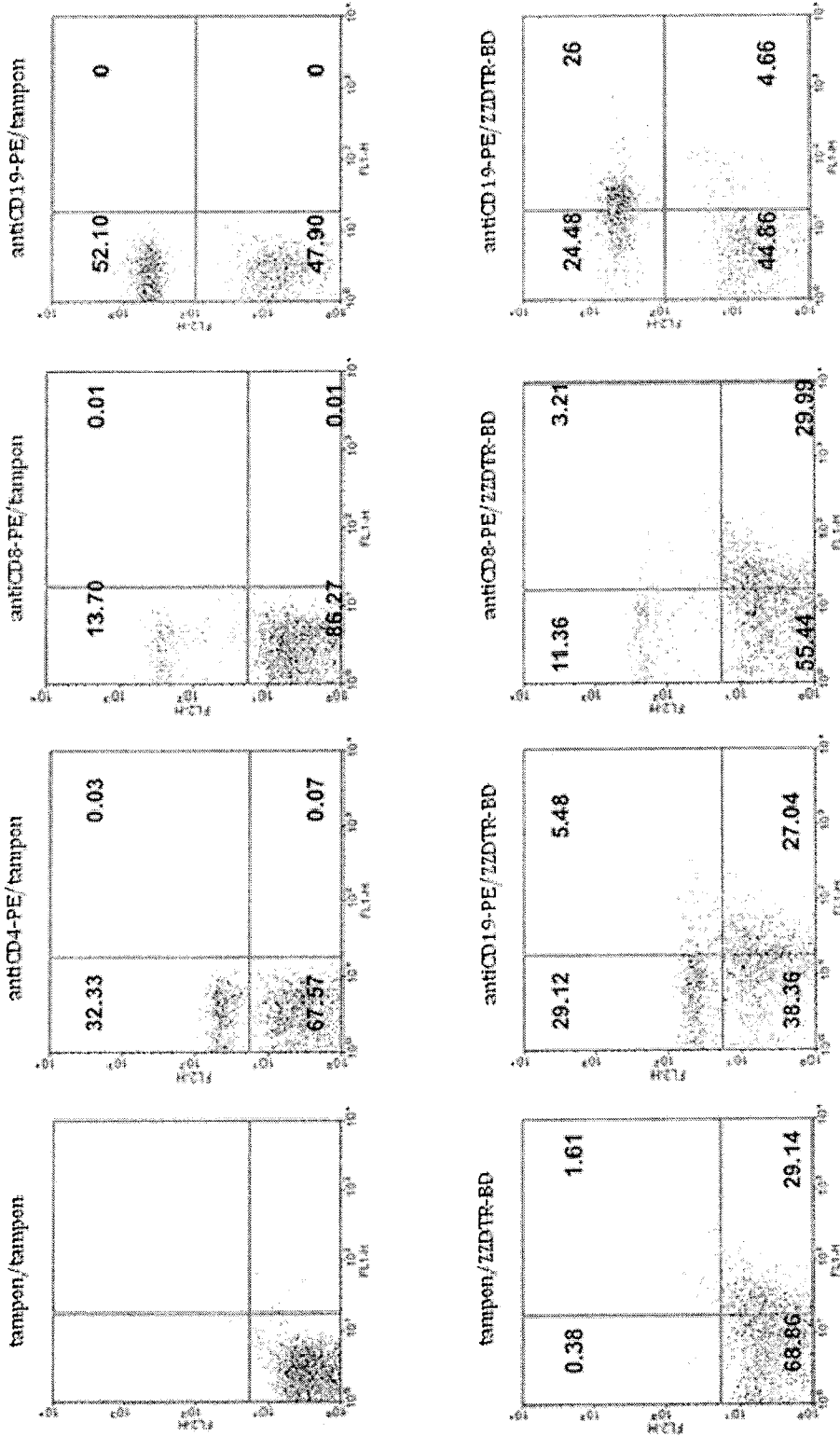


FIGURE 10

11/17

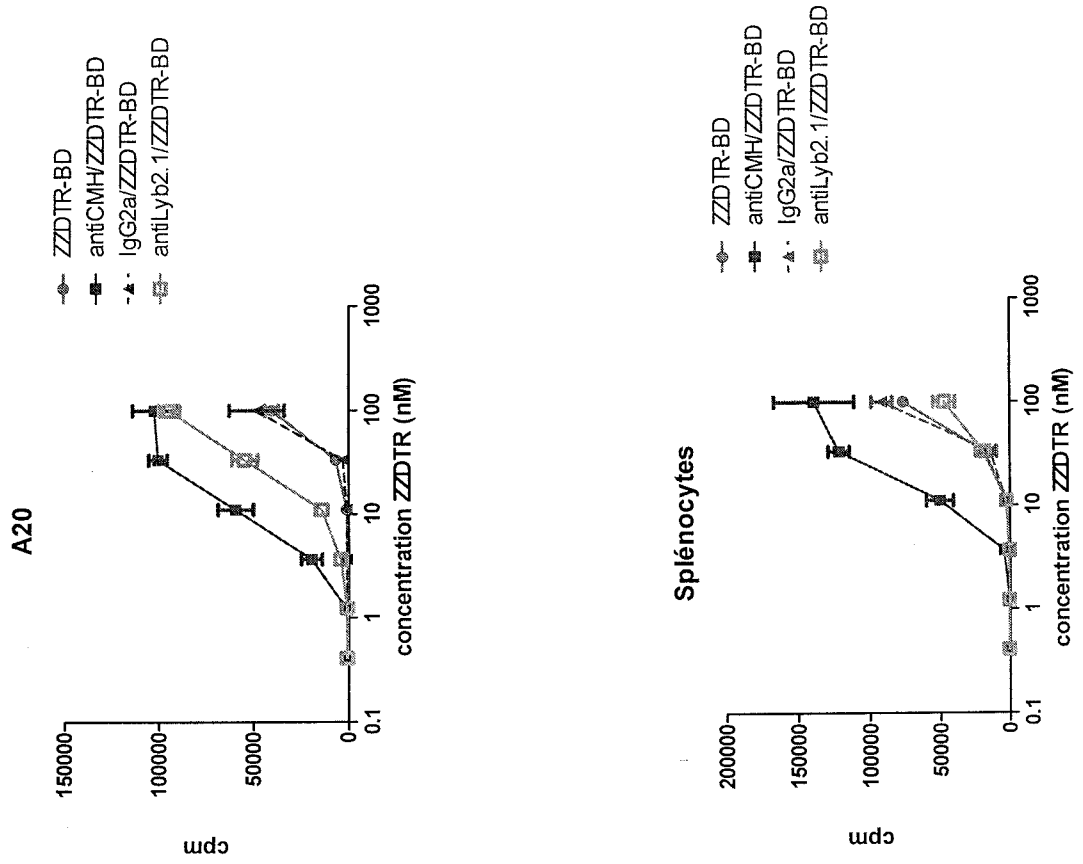


FIGURE 11

12/17

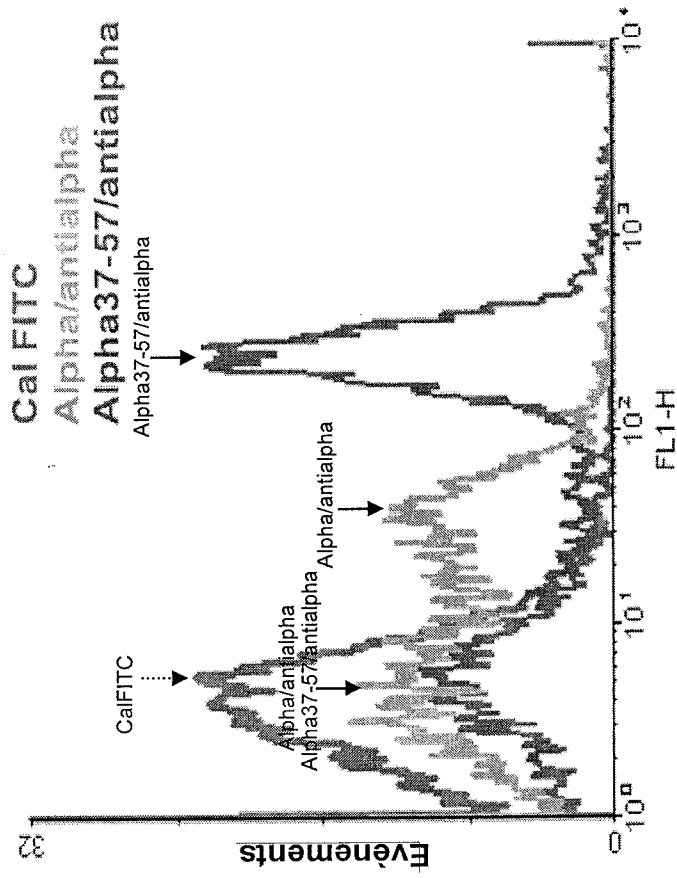


FIGURE 12

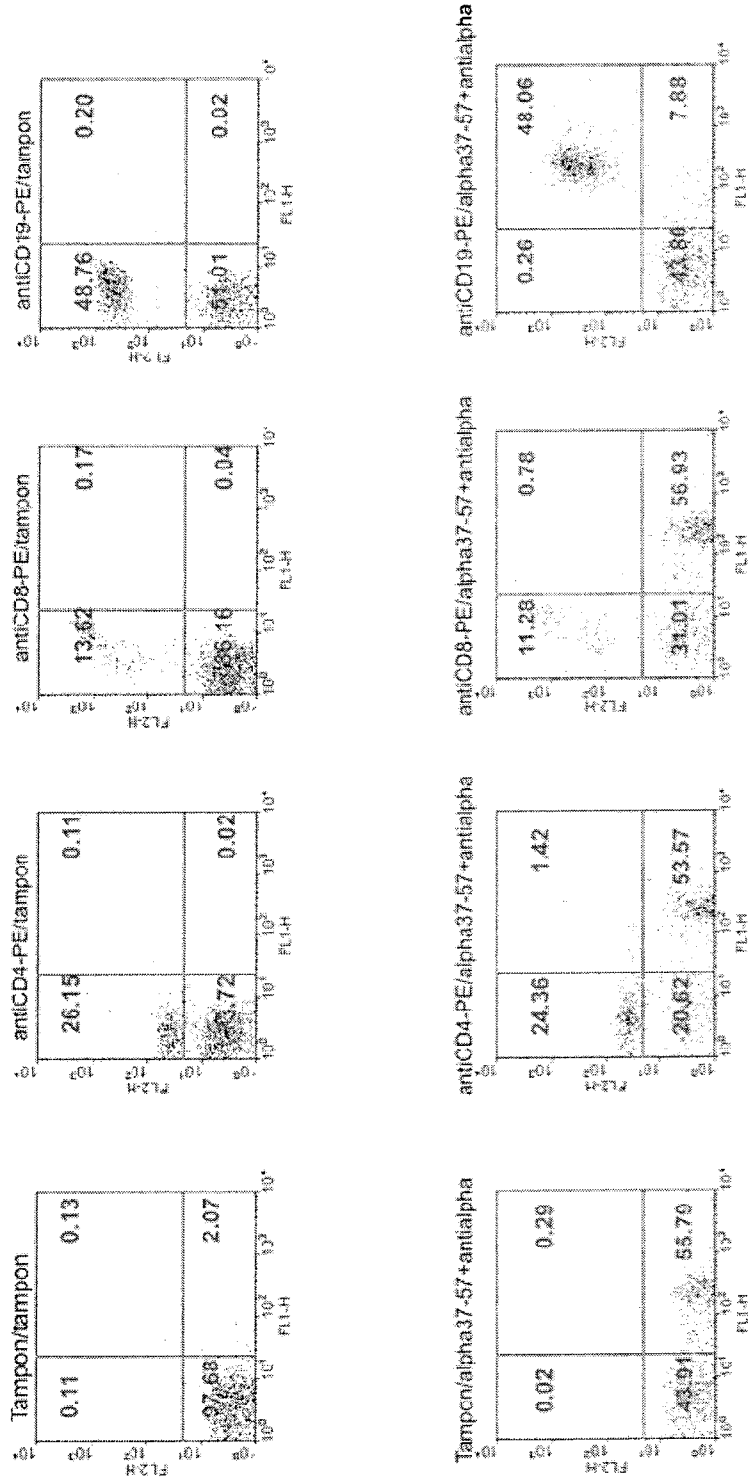


FIGURE 13

14/17

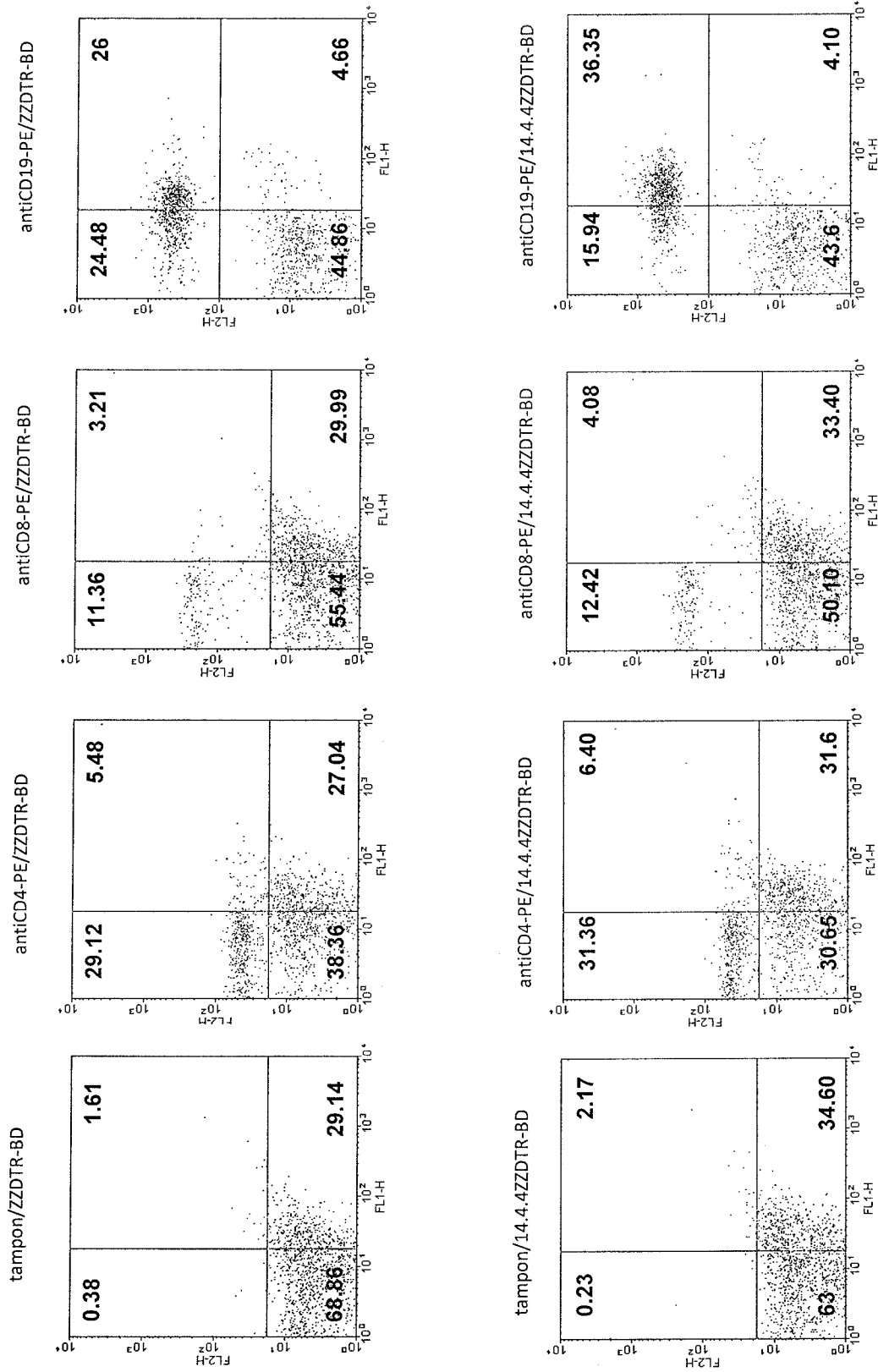


FIGURE 14

15/17

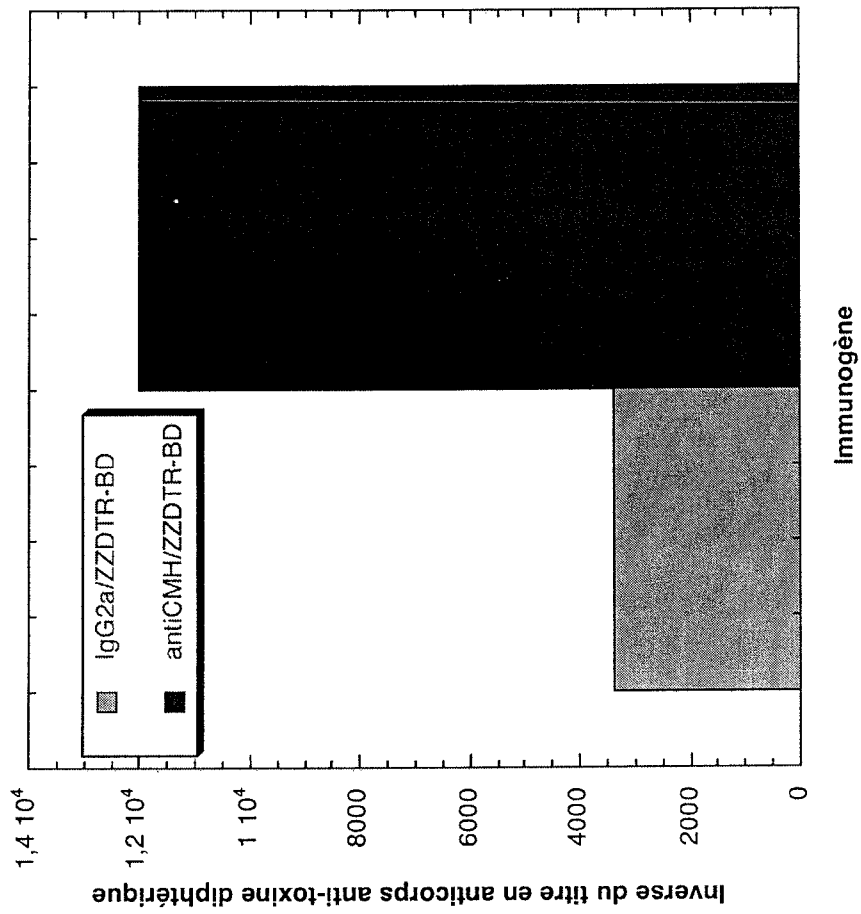


FIGURE 15

16/17

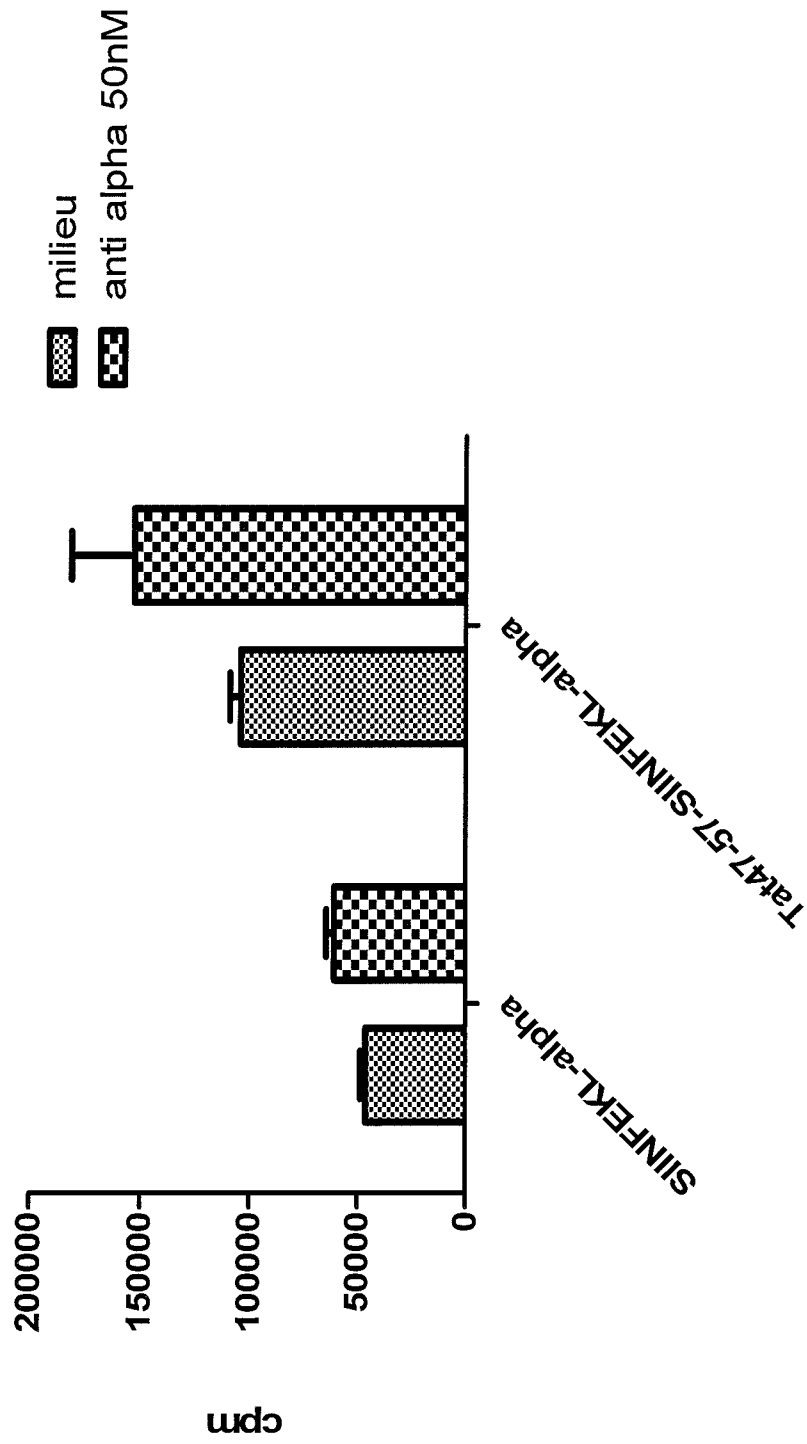


Figure 16

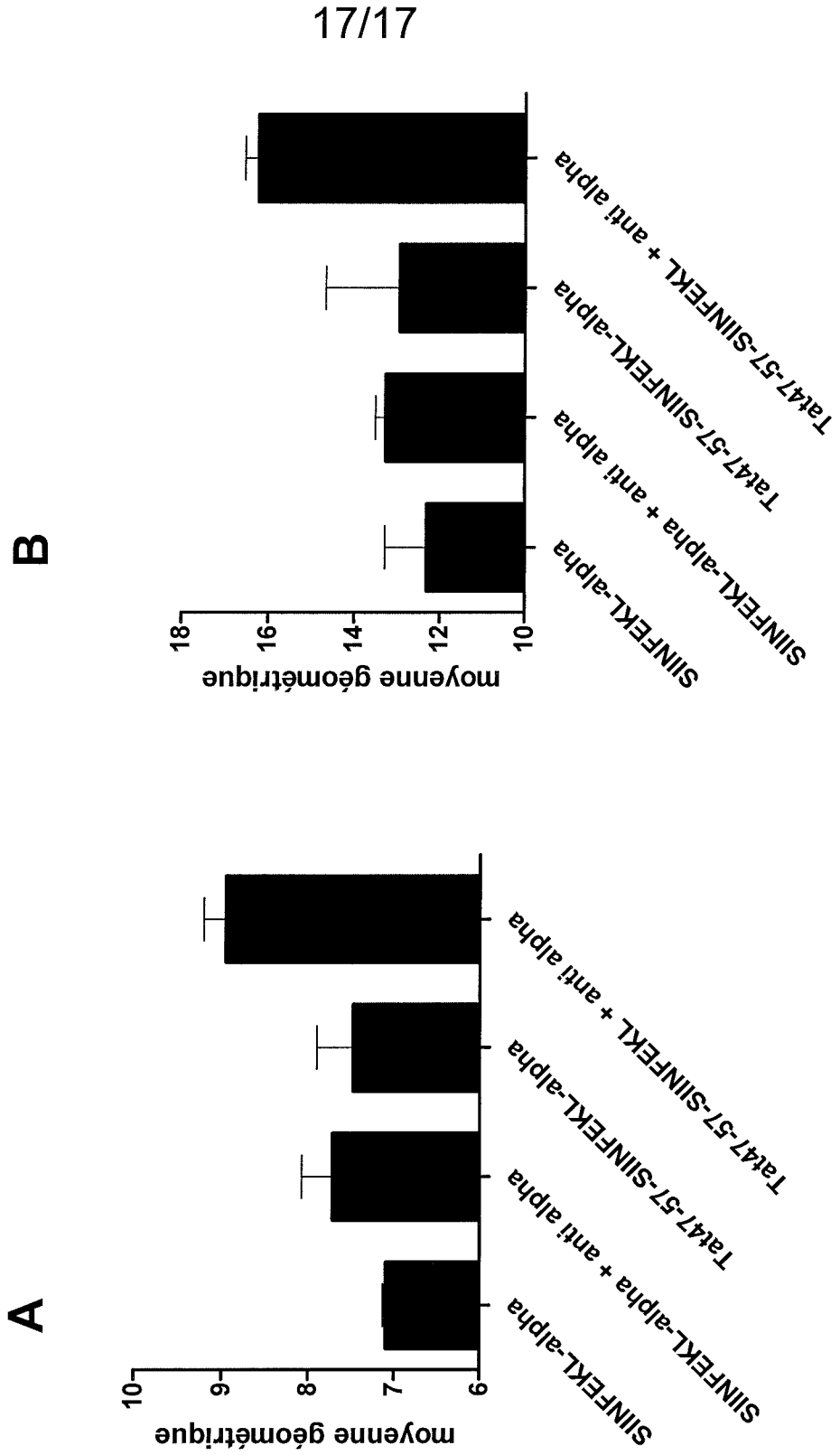


Figure 17