

(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
08 février 2018 (08.02.2018)

WIPO | PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 2018/024998 A1

(51) Classification internationale des brevets :

C07K 14/005 (2006.01) C12N 15/63 (2006.01)
C12N 7/00 (2006.01) C12N 15/86 (2006.01)

(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML,
MR, NE, SN, TD, TG).

(21) Numéro de la demande internationale :

PCT/FR2017/052191

Publiée:

- avec rapport de recherche internationale (Art. 21(3))
- avec la partie de la description réservée au listage des séquences (règle 5.2(a))

(22) Date de dépôt international :

04 août 2017 (04.08.2017)

(25) Langue de dépôt :

français

(26) Langue de publication :

français

(30) Données relatives à la priorité :

1657611 05 août 2016 (05.08.2016) FR

(71) Déposants : CENTRE NATIONAL DE LA RE-
CHERCHE SCIENTIFIQUE [FR/FR] ; 3 Rue Michel
Ange, 75016 Paris (FR). INSTITUT NATIONAL DE LA
RECHERCHE AGRONOMIQUE [FR/FR] ; 147, rue de
l'Université, 75338 Paris Cedex 07 (FR).

(72) Inventeurs : CERUTTI, Martine ; 2997, route de Mon-
tèze, 30380 Saint Christol les Ales (FR). JULIANT, Sylvie
; 38, rue Etroite, 30380 Saint Christol les Ales (FR). THE-
RY, Sylvie ; 41, Chemin des fours à chaux, 30520 Saint
Martin de Valgalgues (FR).

(74) Mandataire : MARRO, Nicolas et al. ; Cabinet Beau de
Loménie, 158, rue de l'Université, 75340 Paris Cedex 07
(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, BN, BR, BW, BY, BZ, CA,
CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO, DZ,
EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR,
HU, ID, IL, IN, IR, IS, JO, JP, KE, KG, KH, KN, KP, KR,
KW, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG,
MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM,
PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, 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, RW, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG,
ZM, ZW), eurasién (AM, AZ, BY, KG, KZ, 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

(54) Title: BACULOVIRUS EXPRESSION SYSTEM

(54) Titre : SYSTÈME D'EXPRESSION BACULOVIRUS

(57) Abstract: The invention relates to a method for producing a recombinant baculovirus comprising n exogenous genes in an insect cell, by means of homologous recombination of a replication-deficient baculovirus genome and n transfer vectors, each comprising one of the n exogenous genes, n being an integer at least equal to 2.

(57) Abrégé : Procédé pour préparer, dans une cellule d'insecte, un baculovirus recombinant comprenant n gènes exogènes, par recombinaison homologue entre un génome de baculovirus déficient pour la réplication et n vecteurs de transfert comprenant chacun un des n gènes exogènes, n étant un nombre entier au moins égal à 2.



WO 2018/024998 A1

Système d'expression baculovirus

Domaine technique

L'invention concerne un procédé de préparation d'un baculovirus recombinant
5 comprenant au moins deux gènes exogènes, des jeux de recombinaison homologue mis en œuvre dans ce procédé de préparation, les baculovirus recombinants obtenus par ce procédé, ainsi que l'utilisation des baculovirus recombinants pour la production de polypeptides.

Arrière-plan technologique

Les baculovirus sont une famille de virus en forme de bâtonnet, spécifiques des arthropodes, qui compte quatre genres (Alphabaculovirus, Betabaculovirus, Deltabaculovirus, Gammabaculovirus) regroupant 49 espèces. Les baculovirus ne sont pas capables de se répliquer dans les cellules de mammifères ou d'autres vertébrés.

15 Le génome des baculovirus est constitué d'une molécule d'ADN bicaténaire, circulaire, d'une taille comprise entre 80 et 180 kpb. Le génome des baculovirus s'associe à des protéines hautement basiques de 6,5 kDa, au sein d'une nucléocapside à symétrie hélicoïdale, qui contient une protéine de capsid de 39 kDa. La taille du génome détermine la longueur de la nucléocapside. La nucléocapside est ensuite enfermée dans une enveloppe
20 lipoprotéique pour former la particule virale ou virion. Ces structures peuvent être recouvertes d'une matrice cristalline ou polyédrique constituée essentiellement d'une seule protéine (la polyédrine) d'environ 30 kDa. Les polyèdres sont de grandes structures dont la taille varie de 1 à 15 µm de diamètre avec une enveloppe externe polysaccharidique qui confère une protection supplémentaire.

25 Les baculovirus, dont le génome a été modifié génétiquement, sont utilisés en biotechnologie pour la production de protéines recombinantes (i.e. baculovirus recombinants). Après pénétration dans une cellule d'insecte, ces baculovirus recombinants vont utiliser la machinerie de la cellule d'insecte pour produire la protéine recombinante.

Les baculovirus recombinants sont obtenus en insérant un ou plusieurs gènes
30 provenant d'autres espèces (par exemple des êtres humains, d'autres vertébrés, plantes, bactéries et virus) dans le génome d'un baculovirus parent. Ces gènes sont placés sous le contrôle d'un promoteur viral ou cellulaire (par exemple le promoteur du gène de la polyédrine) pour générer un baculovirus recombinant. Le promoteur permet la transcription du gène étranger en ARN messager qui à son tour est traduit en protéine dans la cellule

d'insecte infectée par le baculovirus recombinant. L'avantage d'utiliser ce système est que le niveau de production de la protéine recombinante dans les cellules d'insecte infectées par le baculovirus recombinant peut être très important. La protéine recombinante peut ensuite être purifiée à partir des cellules infectées si la protéine est intracellulaire ou bien à partir du milieu de culture si la protéine est sécrétée. Le système d'expression baculovirus est largement utilisé dans l'industrie et dans les laboratoires de recherche. En plus de l'importante productivité du système d'expression baculovirus, ce système est également très apprécié car il permet de produire des protéines recombinantes biologiquement actives. En effet, les cellules d'insectes permettent généralement d'obtenir des modifications post-traductionnelles appropriées.

Malgré tous ces avantages, le système d'expression baculovirus est difficile à mettre en œuvre à l'échelle industrielle pour la production de plusieurs séquences polypeptidiques recombinantes distinctes, par exemple des protéines comprenant plusieurs sous-unités distinctes, tels que les anticorps ou de couples de protéines virales. En effet, les procédés mis en œuvre pour la fabrication des baculovirus recombinants sont complexes et nécessitent un grand nombre d'étapes qui ne permettent pas d'obtenir des génomes de baculovirus recombinants homogènes et stables. L'homogénéité et la stabilité des génomes de baculovirus recombinants sont des critères nécessaires pour envisager un développement industriel.

Il existe donc un besoin de mettre au point des procédés faciles à mettre en œuvre et qui permettent de produire des protéines recombinantes comprenant plusieurs sous-unités distinctes, tels que les anticorps dans des systèmes d'expression baculovirus et qui peuvent notamment être développés à l'échelle industrielle.

Partant de ce constat, le demandeur a mis au point un procédé particulièrement efficace et facile à mettre en œuvre pour préparer des baculovirus recombinants homogènes et stables, et qui permet d'envisager un développement au niveau industriel, notamment pour la production de plusieurs séquences polypeptidiques recombinantes distinctes, notamment des protéines comprenant plusieurs sous-unités distinctes.

Résumé de l'invention

Dans un premier aspect l'invention concerne un procédé pour préparer, dans une cellule d'insecte, un baculovirus recombinant comprenant n gènes exogènes, par recombinaison entre :

- a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels ; et

b) n vecteurs de transfert comprenant chacun:

- i) une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,
- ii) un des n gènes exogènes,

5 l'ensemble des séquences nucléotidiques i) des n vecteurs étant capables de restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication ; n étant un nombre entier au moins égal à 2.

Dans un deuxième aspect l'invention concerne un baculovirus recombinant comprenant (i.e. « baculovirus recombinant dont le génome comprend » ou « baculovirus
10 recombinant dont le génome code ») n séquences nucléotidiques de formule (I) :

[gène exogène]-[séquence nucléotidique intercalaire]-[gène essentiel à la réplication virale fonctionnel] (I),

ladite séquence d'acides nucléiques intercalaire est constituée de 0 (zéro) à 600 pb, ledit gène essentiel à la réplication virale fonctionnel est sélectionné parmi 1629 (ORF9), Pk1
15 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain (ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92), helicase (ORF95), vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6); n
20 étant un nombre entier au moins égal à 2.

Dans un troisième aspect l'invention concerne un jeu d'éléments de recombinaison homologue comprenant :

a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels ;

25 b) n vecteurs de transfert comprenant chacun:

- i) une séquence d'acides nucléiques permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,
- ii) éventuellement un gène exogène,

n étant un nombre entier au moins égal à 2.

30 Dans un quatrième aspect l'invention concerne une cellule comprenant un baculovirus recombinant de l'invention ou un jeu d'éléments de recombinaison homologue de l'invention.

Dans un cinquième aspect l'invention concerne l'utilisation d'un baculovirus recombinant de l'invention ou d'une cellule de l'invention pour la production de n polypeptides exogènes codés par n gènes exogènes.

Description détaillée de l'invention

5 Préparation du baculovirus recombinant

L'invention concerne un procédé pour préparer, dans une cellule d'insecte, un baculovirus recombinant comprenant n gènes exogènes, par recombinaison entre :

a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels ; et

10 b) n vecteurs de transfert comprenant chacun:

i) une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,

ii) un des n gènes exogènes,

l'ensemble des séquences nucléotidiques i) des n vecteurs étant capables de
15 restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication ;

n étant un nombre entier au moins égal à 2.

Dans le cadre de la présente invention, on entend désigner par l'expression "génome de baculovirus" l'ensemble du matériel génétique d'un baculovirus, comprenant en particulier toutes les séquences codantes et ADN non codantes d'un baculovirus.

20 Dans le cadre de la présente invention, on entend désigner par l'expression « génome de baculovirus déficient pour la réplication », un génome de baculovirus dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale ont été soit délétés (entièrement ou partiellement) soit mutés de telle sorte que le génome de baculovirus a perdu sa capacité de
25 réplication dans une cellule d'insecte. Par exemple, le gène essentiel à la réplication virale ne s'exprime plus ou il est transcrit puis traduit en une protéine non-fonctionnelle. Ainsi, les gènes délétés (entièrement ou partiellement) ou mutés sont appelés « gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels ». Les génomes de baculovirus déficients pour la
30 réplication virale sont fabriqués à partir de génomes de baculovirus parents en utilisant des techniques de biologie moléculaire bien connues de l'homme du métier, et permettant notamment l'insertion et/ou la délétion de séquences nucléotidiques dans le baculovirus
parent. De préférence, le génome de baculovirus déficient pour la réplication virale comprend au moins une séquence nucléotidique qui lui permet de se répliquer au sein d'une
cellule bactérienne. Ces séquences nucléotidiques ne sont pas des gènes exogènes au sens de l'invention. Un exemple d'élément de réplication bactérienne est la séquence
35 nucléotidique « Mini-F ». De tels éléments de réplication sont bien connus dans l'état de la

technique. La cellule bactérienne peut être *Escherichia coli*. Un génome de baculovirus qui comprend une séquence nucléotidique qui lui permet de se répliquer au sein d'une cellule bactérienne est connu sous la dénomination « BacMid ». De préférence, le génome de baculovirus déficient pour la réplication comprend également une ou plusieurs séquences nucléotidiques codant un ou plusieurs marqueurs de sélection permettant de sélectionner ou d'identifier les cellules bactériennes transfectées par le génome de baculovirus déficient pour la réplication. Ces séquences nucléotidiques ne sont pas des gènes exogènes au sens de l'invention. Un exemple de marqueurs de sélection est le gène de résistance à l'ampicilline, le gène de résistance à la kanamycine, le gène de résistance à l'hygromycine, le gène de résistance à la zéocine et/ou le gène de résistance à la tétracycline.

Dans un mode de réalisation particulier, le génome de baculovirus déficient pour la réplication est obtenu à partir d'un génome de baculovirus sélectionné parmi ou dérivé du génome de BmNPV, AcMNPV, ApNPV, BsSNPV, CfMNPV, EoSNPV, HaNPV, HzNPV, LdMNPV, MbMNPV, OpMNPV, SIMNPV, SeMNPV ou TeNPV, de préférence AcMNPV.

Dans un mode de réalisation préféré, le génome de baculovirus déficient pour la réplication est sous forme circulaire. Le procédé selon l'invention ne nécessite pas la linéarisation du génome déficient pour la réplication.

Dans le cadre de la présente invention, on entend désigner par l'expression « génome de baculovirus recombinant », le génome de baculovirus issu de la recombinaison homologue entre le génome de baculovirus déficient pour la réplication virale et les n vecteurs de transfert.

Dans le cadre de la présente invention, on entend désigner par l'expression « baculovirus recombinant », un baculovirus dont le génome est un génome de baculovirus recombinant, c'est-à-dire un baculovirus codant les n gènes exogènes. Le baculovirus recombinant est produit après réplication du génome de baculovirus recombinant dans la cellule d'insecte. Le baculovirus recombinant peut être sécrété et peut infecter une autre cellule d'insecte. De préférence, le baculovirus recombinant de l'invention est infectieux. Par « gène », on entend une séquence nucléotidique capable d'être transcrite en protéine ou en peptide d'intérêt.

Dans le cadre de la présente invention, on entend par « gène exogène » (ou « transgène »), un gène qui n'est naturellement pas présent dans le génome d'un baculovirus. Il peut s'agir par exemple de gènes humains, de gènes d'origine animale, de gènes viraux ou de gènes bactériens. De plus, un « gène exogène » au sens de l'invention n'est pas présent dans le génome de baculovirus déficient pour la réplication virale. Ainsi, les gènes qui ne sont naturellement pas présents dans le génome d'un baculovirus mais qui sont

présents dans le génome de baculovirus déficient pour la réplication virale ne sont pas considérés comme des gènes exogènes au sens de la présente invention. En d'autres termes, les gènes exogènes sont portés par les vecteurs de transfert qui recombinent avec le génome de baculovirus déficient pour la réplication virale et qui se retrouvent ensuite
5 intégrés dans le baculovirus recombinant.

Un gène exogène au sens de la présente invention est placé sous le contrôle d'éléments appropriés pour son expression dans la cellule d'insecte. Par "éléments appropriés", on entend l'ensemble des éléments nécessaires à sa transcription en ARN messager (ARNm) et à la traduction de l'ARNm en protéine. Parmi les éléments nécessaires à
10 la transcription, le promoteur revêt une importance particulière. Il peut s'agir d'un promoteur constitutif ou d'un promoteur régulable et il peut être d'origine baculovirale ou d'origine arthropode (e.g. d'origine insecte). L'important est que le promoteur choisi soit adapté pour l'expression du gène exogène dans la cellule d'insecte. D'une façon générale, un promoteur en usage dans la présente invention, peut être modifié de manière à contenir des séquences
15 régulatrices. A titre d'exemples de promoteurs, on peut citer le promoteur polyédrique, le promoteur P10, les promoteurs synthétiques dérivés des promoteurs polyédrique et P10, le promoteur IE1 du baculovirus CfMNPV, le promoteur IE1 du baculovirus LdMNPV, le promoteur gp64 du baculovirus OpMNPV, le promoteur IE1 du virus de crevette WSSV (White spot syndrome virus), le promoteur P9 du densovirus de *Junonia coenia* (JcDNV), le
20 promoteur cellulaire A3 (actine 3) du vers à soie *Bombyx mori*. Dans un mode de réalisation particulier, un ou plusieurs des gènes exogènes est placé sous le contrôle d'un promoteur synthétique dérivé du promoteur P10 sauvage (SEQ ID NO :1), de préférence le promoteur synthétique P10S1A (SEQ ID NO : 2) ou P10S1B (SEQ ID NO :3).

Par « cassette d'expression », on entend une séquence nucléotidique généralement
25 constituée d'un ou plusieurs gènes et des éléments appropriés pour son/leur expression, par exemple un gène exogène et les éléments appropriés pour son expression dans la cellule d'insecte.

Dans le cadre de l'invention, le baculovirus recombinant permet d'exprimer (i.e. de produire) les n gènes exogènes dans une cellule d'insecte. Dans un mode de réalisation
30 particulier, la cellule d'insecte est choisie parmi Sf9, Sf21, Tn5-b14, les lignées cellulaires de lépidoptères sensibles au baculovirus AcMNPV ou les lignées Sf21, de préférence Sf9.

Les vecteurs de transfert peuvent également contenir une ou plusieurs séquences nucléotidiques qui leur permettent de se répliquer au sein d'une cellule bactérienne. Ils peuvent également contenir des gènes codant un marqueur de sélection permettant de
35 sélectionner ou identifier les cellules bactériennes transformées avec un vecteur de transfert.

L'un des principaux avantages de la présente invention est que la capacité à se répliquer du génome de baculovirus déficient pour la réplication virale est restaurée par la recombinaison avec les n vecteurs de transfert. En effet, chacun des n vecteurs de transfert code, en plus d'un des n gènes exogènes, une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels. Ainsi, seule la recombinaison avec les n vecteurs de transfert est capable de restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication. Ainsi le procédé de l'invention garantit que seuls les génomes de baculovirus recombinants contenant les n gènes exogènes pourront générer des baculovirus recombinants infectieux. Ce procédé évite d'avoir à utiliser des tests chronophages pour identifier les baculovirus recombinants contenant les n gènes exogènes.

Dans un mode de réalisation préféré, les gènes essentiels à la réplication virale sont choisis parmi 1629 (ORF9), Pk1 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain (ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92), helicase (ORF95), vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6). Ces gènes sont préférés car ils sont adjacents à un gène non-essentiel à la réplication virale. Ainsi, dans un mode de réalisation préféré, dans le génome de baculovirus déficient pour la réplication virale, les n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels sont chacun adjacents à un gène non-essentiel à la réplication virale. Comme détaillé tout au long de la présente demande, les n gènes exogènes recombinent chacun au niveau d'un gène non-essentiel à la réplication virale adjacent à un gène essentiel à la réplication virale non-fonctionnel. Etant donné que le gène non-essentiel à la réplication virale n'est pas essentiel pour la réplication du génome de baculovirus, cette recombinaison n'affecte pas la capacité du génome de baculovirus à se répliquer.

Au sens de la présente invention, l'expression « réplication » ou « réplication virale » s'entend par la réplication à la fois du génome de baculovirus et du baculovirus. Etant entendu que la réplication du génome de baculovirus dans une cellule d'insecte est essentielle à la réplication du baculovirus dans la cellule d'insecte. Ainsi, un gène essentiel à la réplication virale s'entend comme un gène essentiel à la réplication du baculovirus. La réplication du baculovirus dans la cellule d'insecte permet la génération de baculovirus infectieux. Ainsi, le procédé de l'invention permet de générer un baculovirus recombinant infectieux dans la cellule d'insecte.

Au sens de la présente invention, un gène essentiel à la réplication virale non-fonctionnel est adjacent à un gène non-essentiel à la réplication virale lorsque les deux gènes se succèdent ou se recouvrent partiellement sur le génome du baculovirus, de préférence aucun autre gène n'est compris entre le gène essentiel à la réplication virale non-fonctionnel et le gène non-essentiel à la réplication virale. Avantageusement, les deux gènes susmentionnés sont séparés par une séquence nucléotidique intercalaire, par exemple une séquence nucléotidique intercalaire non codante. En particulier, la séquence nucléotidique intercalaire a une longueur allant de 1 pb à 600 pb. Il est également possible qu'aucune séquence nucléotidique intercalaire (i.e. 0 pb) ne sépare les deux gènes susmentionnés, c'est-à-dire que les deux gènes susmentionnés sont accolés sur le génome du baculovirus ou se recouvrent partiellement. Alternativement, la séquence nucléotidique intercalaire peut comprendre un gène non-essentiel à la réplication virale.

Le demandeur s'est par ailleurs aperçu que le choix de gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels adjacents à des gènes non-essentiels à la réplication virale était particulièrement avantageux et permettait d'obtenir des recombinaisons homologues homogènes et donc de préparer des baculovirus recombinants dont les génomes sont homogènes. Comme expliqué par ailleurs, seule une parfaite recombinaison des n vecteurs permet d'obtenir un baculovirus recombinant capable de se répliquer dans une cellule d'insecte. Aux fins de la présente invention, il est préférable que les génomes des baculovirus recombinants préparés selon l'invention soient homogènes à plus de 90%, avantageusement à plus de 95%, de préférence à plus de 99% et de manière tout à fait préférée aux environs de 100%, de préférence identique.

Dans un mode de réalisation particulier, le gène non-essentiel à la réplication virale est choisi parmi Ph (ORF 8), ORF11, ORF13, egt (ORF15), u-ubiquitin (ORF35), 39K (ORF36), ORF38, p43 (ORF39), lef-12 (ORF41), pcna (ORF49), ORF52, ORF55, Fp (ORF61), ORF63, gp37(ORF64), ORF68, ORF72, ORF74, ORF82, cg30 (ORF88), ORF91, pif4 (ORF96), he65 (ORF105), ORF108, ORF110, cathepsine (ORF127), p24 (ORF129), pp34 (ORF131), ORF134, ORF145, odv-e56 (ORF148), ORF5.

Avantageusement, le couple gène essentiel à la réplication virale/gène non-essentiel à la réplication virale est choisi parmi les couples listés dans le tableau suivant :

Couple	Gène essentiel	Gène non essentiel	Espacement entre les 2 gènes
1	1629 (ORF9)	Ph (ORF 8)	29 bp
2	Pk1 (ORF10)	ORF11	163 bp
3	lef-1 (ORF14)	ORF13 ou egt (ORF15)	Chevauchement 112 bp
4	ORF34	v-ubiquitin (ORF35)	20 bp
5	lef-11 (ORF37)	39K (ORF36) ou ORF38	Chevauchement Chevauchement
6	p47 (ORF40)	p43 (ORF39) ou lef-12 (ORF41)	7 bp Chevauchement
7	Lef8 (ORF50)	pcna (ORF49)	109 bp
8	DNAJ domain (ORF51)	ORF52	202 bp
9	ORF53	ORF52	1 bp
10	vp1054 (ORF54)	ORF55	91 bp
11	Lef-9 (ORF62)	Fp (ORF61) ou ORF63	26 bp 60 bp
12	DNA Pol (ORF65)	gp37(ORF64)	137 bp
13	lef-3 (ORF67)	ORF68	Chevauchement
14	ORF73	ORF72	8 bp
15	ORF75	ORF74	17 bp
16	ORF81	ORF82	Chevauchement
17	p95 (ORF83)	ORF82	Chevauchement
18	vp39 (ORF89)	cg30 (ORF88)	2 bp
19	lef-4 (ORF90)	ORF91	0 bp
20	p33 (ORF92)	ORF91	37 bp
21	helicase (ORF95)	pif-4 (ORF96)	Chevauchement
22	vp80 (ORF104)	he65 (ORF105)	27 bp
23	ORF106-107	he65 (ORF105)	544 bp
24	odv-ec43 (ORF109)	ORF108 ou ORF110	11 bp 35 bp
25	gp64/67 (ORF128)	cathepsine (ORF127) ou p24 (ORF129)	224 bp 182 bp
26	ORF132	pp34 (ORF131)	211 bp
27	ORF133	ORF134	50 bp
28	odv-ec27 (ORF144)	ORF145	69 bp
29	ORF146	ORF145	Chevauchement
30	ie1 (ORF147)	odv-e56 (ORF148)	61 bp
31	lef-2 (ORF6)	ORF5	Chevauchement

Dans le cadre de la présente invention, on entend désigner par l'expression « recombinaison homologue », l'échange d'information génétique entre deux séquences nucléotidiques différentes, nécessitant la présence de séquences homologues entre les deux séquences nucléotidiques différentes. Dans le cadre de la présente invention, la recombinaison se fait dans la cellule d'insecte entre (a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel *n* gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels et (b) les *n* vecteurs de transfert. La recombinaison dans le cadre de la présente invention se fait en une seule étape dans la cellule d'insecte. C'est-à-dire que la recombinaison des *n* gènes exogènes avec le génome de baculovirus déficient pour la réplication se fait de manière simultanée ou quasi-simultanée dans la cellule d'insecte.

Le procédé selon l'invention met en œuvre un mécanisme de recombinaison homologue intermoléculaire. D'une manière générale, le mécanisme de recombinaison homologue consiste en l'échange de séquences nucléotidiques homologues entre le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les *n* vecteurs de transfert. Ces séquences nucléotidiques peuvent être identiques ou substantiellement homologues. Dans un mode de réalisation particulièrement avantageux, les vecteurs de transfert comprennent, de part et d'autre de la cassette d'expression du gène exogène, des séquences flanquantes homologues au génome de baculovirus déficient pour la réplication. Le degré d'homologie des séquences flanquantes avec la partie correspondante du génome de baculovirus déficient pour la réplication peut être variable mais doit être suffisant pour permettre la recombinaison intermoléculaire. Aux fins de la présente invention, il est préférable qu'il soit supérieur à 70%, avantageusement supérieur à 80%, de préférence supérieur à 90% et de manière tout à fait préférée aux environs de 100%, de préférence identique. De plus, une courte région d'homologie peut être suffisante, c'est-à-dire au moins 10 nucléotides (ou paires de bases) consécutifs communs entre les séquences flanquantes et leurs séquences homologues dans le génome de baculovirus déficient pour la réplication. Dans le cadre de la présente invention, la longueur des séquences flanquantes peut aller de 10 pb (i.e. 10 paires de bases) à 10 kb (i.e. 10 000 paires de bases), avantageusement allant de 100 pb à 6 kb, de préférence allant de 200 pb à 6 kb et, de manière tout à fait préférée allant de 400 pb à 6 kb. Ainsi, le matériel génétique localisé entre les séquences flanquantes des *n* vecteurs de transfert remplace le matériel génétique localisé entre les deux séquences homologues aux séquences flanquantes du génome de baculovirus déficient pour la réplication. Cet échange intermoléculaire permet de générer un baculovirus recombinant infectieux dans la cellule d'insecte. Selon l'invention, l'ensemble des séquences nucléotidiques *i*) (i.e. les séquences nucléotidiques permettant de restaurer la fonction des *n* gènes essentiels à la réplication

virale non-fonctionnels) des n vecteurs de transfert sont capables de restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication. En effet, l'échange intermoléculaire permet de restaurer la fonction des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels. En d'autres termes, la restauration de la fonction des n gènes essentiels à la
5 réplication virale non-fonctionnels se fait lorsque la recombinaison homologue se produit correctement. Cela vient du fait que les n vecteurs de transfert comprennent chacun une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels.

Par exemple, lorsque $n=2$, un génome de baculovirus déficient pour la réplication
10 dans lequel deux gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels recombine avec deux vecteurs de transfert qui comprennent chacun une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des deux gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel. Ce qui veut dire que la recombinaison avec le premier vecteur de transfert permet de restaurer la fonction d'un premier gène essentiel à la réplication virale non-
15 fonctionnel et la recombinaison avec le deuxième vecteur de transfert permet de restaurer la fonction d'un deuxième gène essentiel à la réplication virale non-fonctionnel. Ainsi, seule la recombinaison des deux vecteurs de transfert avec le génome de baculovirus déficient pour la réplication permet de restaurer la fonction des deux gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels et donc de restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour
20 la réplication. Cette restauration permet de générer des baculovirus recombinants infectieux dans la cellule d'insecte.

Ainsi, selon le procédé de l'invention, la recombinaison avec les n vecteurs de transfert, ou multirecombinaison, est nécessaire pour restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication.

De manière surprenante, les inventeurs ont mis en évidence que la
25 multirecombinaison pouvait se faire en une seule étape dans la cellule d'insecte. Ceci est particulièrement avantageux puisque le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les n vecteurs de transfert peuvent être introduits en même temps dans la cellule d'insecte, c'est-à-dire que le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les
30 vecteurs de transfert sont introduits simultanément dans la cellule d'insecte, en d'autres termes le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les vecteurs de transfert sont introduits en une seule étape dans la cellule d'insecte. La multirecombinaison en une seule étape lors du procédé selon l'invention est donc très facile à mettre en œuvre et permet d'obtenir des génomes de baculovirus recombinants homogènes, c'est-à-dire que
35 l'homologie de la séquence nucléotidique de chaque génome de baculovirus recombinant

produit est supérieure à 90%, de préférence supérieure à 95%, de préférence supérieure à 99%, de préférence aux environs de 100%, de préférence égale à 100%.

Le procédé selon l'invention permet de préparer un baculovirus recombinant exprimant (i.e. produisant) n polypeptides exogènes. Les n polypeptides exogènes forment
5 une seule protéine ou plusieurs protéines. On entend par « polypeptide » une chaîne d'acides aminés reliés par des liaisons peptidiques. Par exemple, un polypeptide peut être une protéine, une sous-unité de protéine, un fragment de protéine ou simplement une chaîne d'acides aminés. Généralement, un polypeptide est formé d'au moins 10 acides aminés.

10 Dans un mode de réalisation particulier, les n polypeptides exogènes forment plusieurs protéines. Il peut s'agir de protéines comprenant une seule chaîne polypeptidique, plusieurs sous-unités identiques ou plusieurs sous-unités distinctes. Le nombre de protéines produites peut être égal ou inférieur à n. Par exemple, trois polypeptides exogènes (n=3) peuvent former (i) une protéine comprenant une seule chaîne polypeptidique et une protéine
15 comprenant deux sous-unités distinctes, (ii) trois protéines comprenant une seule chaîne polypeptidique, (iii) une protéine comprenant plusieurs sous-unités identiques et une protéine comprenant deux sous-unités distinctes ou (iv) trois protéines comprenant plusieurs sous-unités identiques.

Dans un autre mode de réalisation particulier, les n polypeptides exogènes forment
20 une seule protéine. Dans ce mode de réalisation, la protéine comprend généralement n sous-unités distinctes.

Le procédé selon l'invention est particulièrement avantageux pour préparer un baculovirus recombinant exprimant (i.e. produisant) une protéine exogène comprenant plusieurs sous-unités distinctes, par exemple une protéine n'ayant sa fonction que lorsqu'elle
25 comprend toutes ses sous-unités. Les sous-unités sont généralement liées entre elles par des liaisons non-covalentes (e.g. liaisons hydrophobes) et/ou des liaisons covalentes (e.g. ponts disulfures entre deux cystéines).

Dans un mode de réalisation particulier, le procédé selon l'invention permet de préparer facilement et rapidement un baculovirus recombinant comprenant n gènes
30 exogènes distincts qui codent une seule protéine comprenant n sous-unités distinctes. On entend par « gènes exogènes distincts », des gènes n'ayant pas la même séquence nucléotidique. On entend par « sous-unités distinctes », des séquences peptidiques n'ayant pas la même séquence en acides aminés. Ainsi, une « protéine comprenant n sous-unités distinctes », comprend n sous-unités distinctes liées entre elles par des liaisons non-
35 covalentes et/ou des liaisons covalentes. Dans ce mode de réalisation, le nombre de vecteurs

de transfert dépendra du nombre de sous-unités distinctes que comprend la protéine. Par exemple, deux vecteurs de transfert seront utilisés pour une protéine comprenant deux sous-unités distinctes, trois vecteurs de transfert seront utilisés pour une protéine comprenant trois sous-unités distinctes, etc. Ainsi, chaque vecteur de transfert comprend un gène exogène différent des gènes exogènes compris dans les autres vecteurs de transfert. Le baculovirus recombinant de l'invention ne peut comprendre l'ensemble de la protéine d'intérêt (c'est-à-dire l'ensemble des sous-unités distinctes qui constituent la protéine d'intérêt) uniquement si la recombinaison se fait entre le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les n vecteurs de transfert.

Selon l'invention, n est un nombre entier au moins égal à 2, par exemple un nombre entier allant de 2 à 30, par exemple allant de 2 à 10. Par exemple, pour une protéine comprenant plusieurs sous-unités distinctes, la valeur de n correspondra au nombre de sous-unités distinctes qui constituent ladite protéine.

Dans un mode de réalisation particulier, $n=2$ et le baculovirus recombinant code 2 gènes exogènes qui codent une protéine comprenant deux sous-unités, avantageusement 2 gènes exogènes distincts qui codent une protéine comprenant 2 sous-unités distinctes. De préférence, la protéine est un anticorps, un complexe protéique formant des Virus-Like-Particles (VLP), un couple de protéines virales, une hormone peptidique, de préférence un anticorps.

Dans un mode de réalisation particulier, $n=3$ et le baculovirus recombinant comprend 3 gènes exogènes qui codent une protéine comprenant trois sous-unités, avantageusement 3 gènes exogènes distincts qui codent une protéine comprenant 3 sous-unités distinctes. De préférence, la protéine est un anticorps bispécifique, un ensemble de trois protéines virales, un complexe multienzymatique, un complexe protéique, un complexe protéique formant des VLP, de préférence un anticorps bispécifique.

Le terme « anticorps » est utilisé ici dans le sens le plus large et englobe diverses structures d'anticorps largement décrites dans la littérature, y compris, mais sans s'y limiter, les anticorps quelle que soit leur origine, les anticorps monoclonaux, les anticorps polyclonaux et les fragments d'anticorps tant qu'ils présentent l'activité souhaitée (par exemple la liaison à l'antigène). L'anticorps est une IgA, IgD, IgE, IgG ou une IgM. Des exemples de fragments d'anticorps comprennent, mais sans s'y limiter, des fragments Fv, Fab, Fab', Fab'-SH, F(ab')₂, Fc ; les diabodies; scFv/Fc ; les anticorps de type camélidés (par exemple les VHH); des molécules d'anticorps à chaîne unique (par exemple scFv).

Avantageusement, le baculovirus recombinant préparé selon le procédé de l'invention ne comprend pas de séquence d'acides nucléiques qui lui permet de se répliquer au sein

d'une cellule bactérienne. En particulier, la séquence d'acides nucléiques qui permet de répliquer le génome de baculovirus déficient pour la répllication au sein d'une cellule bactérienne est éliminée lors de la recombinaison homologue dans la cellule d'insecte.

L'introduction dans une cellule d'insecte des vecteurs de transfert et du génome de baculovirus déficient pour la répllication est réalisée selon les techniques générales largement décrites dans l'art antérieur. On peut citer notamment la technique au phosphate de calcium, la technique au DEAE dextran, l'électroporation, les méthodes basées sur les chocs osmotiques, la microinjection ou les méthodes basées sur l'emploi de liposomes, de préférence la lipofection. Dans le cadre de la présente invention, les vecteurs de transfert et le génome de baculovirus déficient pour la répllication sont introduits en même temps dans la cellule d'insecte, c'est-à-dire que les vecteurs de transfert et le génome de baculovirus déficient pour la répllication sont introduits simultanément dans la cellule d'insecte, en d'autres termes les vecteurs de transfert et le génome de baculovirus déficient pour la répllication sont introduits en une seule étape.

Dans le cadre d'un procédé selon l'invention, les quantités de génome de baculovirus déficient pour la répllication et de vecteurs de transfert introduits dans la cellule d'insecte peuvent varier. On préfère employer une quantité 5 fois plus importante de chacun des vecteurs de transfert par rapport à la quantité de génome de baculovirus déficient pour la répllication.

Un autre avantage de la présente invention est que le génome de baculovirus déficient pour la répllication est introduit sous forme circulaire, c'est-à-dire sans étape de linéarisation au préalable. Cette étape de linéarisation est inutile puisque le génome de baculovirus est déficient pour la répllication, même sous forme circulaire, puisqu'il comprend des gènes essentiels à la répllication virale non-fonctionnels. L'absence d'étape de linéarisation est un autre avantage majeur de la présente invention.

Baculovirus recombinant

La présente invention vise également à protéger un baculovirus recombinant comprenant (i.e. « baculovirus recombinant dont le génome comprend » ou « baculovirus recombinant dont le génome code ») n séquences nucléotidiques de formule (I) :

[gène exogène]-[séquence nucléotidique intercalaire]-[gène essentiel à la répllication virale fonctionnel] (I),

ladite séquence d'acides nucléiques intercalaire est constituée de 0 (zéro) à 600 pb, ledit gène essentiel à la répllication virale fonctionnel est sélectionné parmi 1629 (ORF9), Pk1 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain

(ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92), helicase (ORF95), vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6); n étant un nombre entier au moins égal à 2.

Avantageusement, le baculovirus recombinant selon l'invention ne comprend pas de séquence d'acides nucléiques qui lui permet de se répliquer au sein d'une cellule bactérienne. Il a en effet été démontré que l'absence d'une telle séquence permettait d'augmenter la stabilité du baculovirus recombinant, comparé à un baculovirus recombinant comportant une telle séquence (Piljmann et al (2003) Journal of General Virology).

Avantageusement, le baculovirus recombinant selon l'invention ne comprend pas n gènes non-essentiels à la répllication virale choisis parmi Ph (ORF 8), ORF11, ORF13, egt (ORF15), v-ubiquitin (ORF35), 39K (ORF36), ORF38, p43 (ORF39), lef-12 (ORF41), pcna (ORF49), ORF52, ORF55, Fp (ORF61), ORF63, gp37(ORF64), ORF68, ORF72, ORF74, ORF82, cg30 (ORF88), ORF91, pif-4 (ORF96) he65 (ORF105), ORF108, ORF110, Cathepsine (ORF127), p24 (ORF129), pp34 (ORF131), ORF134, ORF145, odv-e56 (ORF148), ORF5. Avantageusement, un des n gènes non-essentiels à la répllication virale est le gène codant la cathepsine car il a été montré que la cathepsine peut avoir un effet délétère sur les polypeptides exogènes produits.

Selon l'invention, n est un nombre entier au moins égal à 2, par exemple un nombre entier allant de 2 à 30, par exemple allant de 2 à 10, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

La présente invention vise également à protéger un baculovirus recombinant, susceptible d'être obtenu selon le procédé de préparation de l'invention, comprenant n séquences nucléotidiques de formule (I) :

[gène exogène]-[séquence nucléotidique intercalaire]-[gène essentiel à la répllication virale fonctionnel] (I),

ladite séquence d'acides nucléiques intercalaire est constituée de 0 (zéro) à 600 pb, ledit gène essentiel à la répllication virale fonctionnel est sélectionné parmi 1629 (ORF9), Pk1 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain (ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92), helicase (ORF95), vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6); n étant un nombre entier au moins égal à 2.

Avantageusement, les n séquences nucléotidiques sont réparties sur tout le génome du baculovirus recombinant, ce qui permet d'en améliorer la stabilité. Les n gènes exogènes choisis sont donc suffisamment espacés sur le génome du baculovirus. Cette caractéristique est implicite puisque la répartition sur le génome est liée aux couples « gène essentiel/gène non essentiel ».

Avantageusement, et cela est inhérent au procédé de préparation selon l'invention, les n séquences nucléotidiques de formule (I) ne sont pas dupliquées sur le génome du baculovirus recombinant. Il a en effet été démontré une diminution de la stabilité du baculovirus recombinant lorsque les séquences sont dupliquées sur le génome (données non-présentées).

Jeu d'éléments de recombinaison homologue

La présente invention vise également à protéger un jeu d'éléments de recombinaison homologue comprenant :

- a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels ;
 - b) n vecteurs de transfert comprenant chacun:
 - i) une séquence d'acides nucléiques permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,
 - ii) éventuellement un gène exogène,
- n étant un nombre entier au moins égal à 2.

Avantageusement, les gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels sont chacun adjacents à un gène non-essentiel à la réplication virale, comme décrit dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, les vecteurs de transfert comprennent, de part et d'autre de la cassette d'expression du gène exogène, des séquences flanquantes homologues au génome de baculovirus déficient pour la réplication. Avantageusement, les séquences flanquantes de chacun des vecteurs de transfert sont homologues à tout ou partie dudit gène essentiel à la réplication virale non-fonctionnel et à tout ou partie dudit gène non-essentiel à la réplication virale. Avantageusement, les séquences flanquantes ont une longueur qui peut aller de 10 pb (i.e. 10 paires de bases) à 10 kb (i.e. 10 000 paires de bases), avantageusement allant de 100 pb à 6 kb, de préférence allant de 200 pb à 6 kb et, de manière tout à fait préférée allant de 400 pb à 6 kb. Les séquences flanquantes sont décrites en détail dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, les n vecteurs de transfert comprennent chacun un gène exogène.

Dans un mode de réalisation particulier, les n gènes exogènes codent n polypeptides exogènes. Les n polypeptides exogènes forment une seule protéine ou plusieurs protéines, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, $n=2$ et les 2 gènes exogènes codent une protéine comprenant deux sous-unités, avantageusement 2 gènes exogènes distincts qui codent une protéine comprenant de 2 sous-unités distinctes. De préférence, la protéine est un anticorps monospécifique, une VLP, un couple de protéines virales, une hormone peptidique, de préférence un anticorps.

Dans un mode de réalisation particulier, $n=3$ et les 3 gènes exogènes codent une protéine comprenant trois sous-unités, avantageusement 3 gènes exogènes distincts qui codent une protéine comprenant de 3 sous-unités distinctes. De préférence, la protéine est un anticorps bispécifique, un ensemble de trois protéines virales, un complexe multienzymatique, un complexe protéique, une VLP composée de 3 protéines distinctes, de préférence un anticorps bispécifique.

Les « gènes essentiels à la réplication virale » sont décrits dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, le génome de baculovirus déficient pour la réplication est obtenu à partir d'un génome de baculovirus sélectionné parmi ou dérivé du génome de BmNPV, AcMNPV, ApNPV, BsSNPV, CfMNPV, EoSNPV, HaNPV, HzNPV, LdMNPV, MbMNPV, OpMNPV, SIMNPV, SeMNPV ou TeNPV, de préférence AcMNPV.

La présente invention vise également à protéger une cellule comprenant un baculovirus recombinant ou une cellule comprenant un jeu d'éléments de recombinaison homologue selon l'invention.

Dans un mode de réalisation particulier, la cellule est une cellule d'insecte, de préférence sélectionnée parmi Sf9, Sf21, Tn5-b14, les lignées cellulaires de lépidoptères sensibles au baculovirus AcMNPV, les lignées Sf21, de préférence Sf9, comme décrit plus en détail dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Procédé de production de polypeptides exogènes

La présente invention vise également à protéger un procédé de production de n polypeptides exogènes codés par n gènes exogènes comprenant les étapes de :

- a) Fournir un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels;

b) Fournir n vecteurs de transfert comprenant chacun:

- i) une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,
- ii) un des n gènes exogènes codant un des n polypeptides, avantageusement une cassette d'expression d'un des n gènes exogènes codant un des n polypeptides,

l'ensemble des séquences d'acides nucléiques i) des n vecteurs étant capables de restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication ;

c) Laisser le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les n vecteurs de transfert se recombiner dans une cellule d'insecte afin de générer une cellule d'insecte comprenant un génome de baculovirus recombinant capable de se répliquer et capable de générer des baculovirus recombinants comprenant n gènes exogènes ; et

d) Cultiver la cellule d'insecte dans des conditions adaptées pour produire les n polypeptides exogènes ;

n étant un nombre entier au moins égal à 2.

Sauf indication contraire, les définitions et modes de réalisation décrits ci-dessus, notamment dans la partie « préparation du baculovirus recombinant », s'appliquent également à la partie « procédé de production de polypeptides exogènes ».

Dans un mode de réalisation particulier, les gènes essentiels à la réplication virale sont choisis parmi 1629 (ORF9), Pk1 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain (ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92), helicase (ORF95), vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6), comme détaillé ci-dessus dans la partie « préparation du baculovirus recombinant ».

Avantageusement, dans ledit génome de baculovirus déficient pour la réplication, les n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels sont chacun adjacents à un gène non-essentiel à la réplication virale, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, le gène non-essentiel à la réplication virale est sélectionné parmi ceux détaillés ci-dessus dans la partie « préparation du baculovirus recombinant ».

Avantageusement, les n gènes exogènes recombinent chacun au niveau d'un gène non-essentiel à la réplication virale adjacent à un gène essentiel à la réplication virale

non-fonctionnel, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, les vecteurs de transfert comprennent chacun, de part et d'autre de la cassette d'expression du gène exogène, des séquences
5 flanquantes homologues au génome de baculovirus déficient pour la réplication. Avantageusement, les séquences flanquantes de chacun des vecteurs de transfert sont homologues à tout ou partie dudit gène essentiels à la réplication virale non-fonctionnel et à tout ou partie dudit gène non-essentiel à la réplication virale. Avantageusement, les
10 séquences flanquantes ont une longueur qui peut aller de 10 pb (i.e. 10 paires de bases) à 10 kb (i.e. 10 000 paires de bases), avantageusement allant de 100 pb à 6 kb, de préférence allant de 200 pb à 6 kb et, de manière tout à fait préférée allant de 400 pb à 6 kb. Les séquences flanquantes sont décrites en détail dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Les n gènes essentiels à la réplication virale sont détaillés dans la partie « préparation
15 du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, le génome de baculovirus déficient pour la réplication est obtenu à partir d'un génome de baculovirus sélectionné parmi ou dérivé du génome de baculovirus BmNPV, AcMNPV, ApNPV, BsSNPV, CfMNPV, EoSNPV, HaNPV, HzNPV, LdMNPV, MbMNPV, OpMNPV, SIMNPV, SeMNPV ou TeNPV, de préférence AcMNPV.,
20 comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Dans un mode de réalisation particulier, les n polypeptides exogènes produits par le procédé selon l'invention forment plusieurs protéines. Il peut s'agit de protéines comprenant une seule chaîne polypeptidique ou plusieurs sous-unités distinctes. Le nombre de protéines produites peut être égal ou inférieur à n. Par exemple, 3 polypeptides exogènes (n=3)
25 peuvent former (i) une protéine comprenant une seule chaîne polypeptidique et une protéine comprenant deux sous-unités, ou (ii) trois protéines comprenant une seule chaîne polypeptidique.

Dans un autre mode de réalisation particulier, les n polypeptides exogènes produits par le procédé selon l'invention forment une seule protéine. Dans ce mode de réalisation, la
30 protéine comprend généralement n sous-unités distinctes.

Dans un mode de réalisation particulier la protéine est un anticorps monoclonal, une VLP composée de 3 protéines distinctes, un couple de protéines virales, une hormone peptidique, un anticorps bispécifique, un ensemble de trois protéines virales, un complexe multienzymatique, un complexe protéique.

Dans un mode de réalisation particulier, la cellule d'insecte est sélectionnée parmi Sf9, Sf21, Tn5-b14, les lignées cellulaires de lépidoptères sensibles au baculovirus AcMNPV, les lignées Sf21, de préférence Sf9, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

5 Dans un mode de réalisation particulier, le génome de baculovirus déficient pour la réplication est obtenu à partir d'un génome de baculovirus sélectionné parmi ou dérivé du génome de baculovirus BmNPV, AcMNPV, ApNPV, BsSNPV, CfMNPV, EoSNPV, HaNPV, HzNPV, LdMNPV, MbMNPV, OpMNPV, SIMNPV, SeMNPV ou TeNPV, de préférence AcMNPV, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

10 Dans un mode de réalisation particulier, le génome de baculovirus déficient pour la réplication comprend au moins une séquence nucléotidique qui lui permet de se répliquer au sein d'une cellule bactérienne, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

15 Dans un mode de réalisation particulier, le baculovirus recombinant capable de réplication ne comprend pas de séquence nucléotidique qui lui permet de se répliquer au sein d'une cellule bactérienne, comme détaillé dans la partie « préparation du baculovirus recombinant » ci-dessus.

Au sens de l'invention, on entend par « conditions adaptées pour produire les polypeptides exogènes » les conditions dans lesquelles les cellules d'insectes sont cultivées
20 pour produire les polypeptides exogènes, notamment un milieu de culture adapté à la croissance optimale des cellules, une température et un pH optimaux. Le milieu de culture peut contenir un sérum d'origine animale.

Dans un mode de réalisation particulier, le procédé de production selon l'invention comprend en outre une étape b') introduire le génome de baculovirus déficient pour la
25 réplication et les n vecteurs de transfert dans une cellule d'insecte. Comme détaillé ci-dessus, l'introduction des vecteurs dans une cellule d'insecte est réalisée selon les techniques générales largement décrites dans l'art antérieur. On peut citer notamment la technique au phosphate de calcium, la technique au DEAE dextran, l'électroporation, les méthodes basées sur les chocs osmotiques, la microinjection ou les méthodes basées sur
30 l'emploi de liposomes, de préférence la lipofection. Dans le cadre de la présente invention, le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les vecteurs de transfert sont introduits en même temps dans la cellule d'insecte, c'est-à-dire simultanément dans la cellule d'insecte, en d'autre terme le génome de baculovirus déficient pour la réplication et les vecteurs de transfert sont introduits dans la cellule d'insecte en une seule étape.
35 Avantageusement, le génome de baculovirus déficient pour la réplication est introduit dans la

cellule d'insecte sous forme circulaire, c'est-à-dire qu'il n'est pas linéarisé au préalable. Comme détaillé plus haut, l'introduction sous forme circulaire est un autre avantage majeur du procédé de production selon l'invention.

La présente invention vise également l'utilisation d'un baculovirus recombinant selon l'invention ou une cellule selon l'invention pour la production de n polypeptides exogènes codés par n gènes exogènes.

Figures

La **figure 1** est un schéma qui illustre les étapes de préparation du BacMid 1.

10 Légende:

ORF : open reading frame

Polyédrine ou PH: gène baculovirus codant la polyédrine : gène non essentiel à la réplication virale.

ORF603 : gène baculovirus codant la protéine 603, gène non essentiel.

15 ORF1629 : gène baculovirus codant la protéine 1629: gène essentiel à la réplication virale

pVT : plasmide vecteur de transfert.

Fragment de recombinaison : fragment d'ADN contenant la cassette d'expression à intégrer dans l'ADN cible. Ce fragment présente des régions flanquantes de part et d'autre de la cassette d'expression pour pouvoir cibler spécifiquement la région qui subira la recombinaison homologue dans la bactérie via la Red recombinase.

20

Mini-F : origine de réplication bactérienne.

Kan^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la kanamycine.

Amp^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à l'ampicilline.

25 La **figure 2** est un schéma qui illustre l'étape de délétion partielle du gène codant l'ADN polymérase virale, le gène DNAPol pour la préparation du BacMid 2.

Légende :

gp37 : gène baculovirus codant la glycoprotéine gp37, gène non essentiel à la réplication virale.

30 DNAPol : gène baculovirus codant l'ADN polymérase virale, gène essentiel à la réplication virale.

DNAPol-Δ466 aa : gène DNAPol délété de la région codant les 466 acides aminés C terminaux

Fragment de recombinaison : fragment d'ADN contenant la cassette d'expression à intégrer dans l'ADN cible. Ce fragment présente des régions flanquantes de part et d'autre de la

35

cassette d'expression pour pouvoir cibler spécifiquement la région qui subira la recombinaison homologue dans la bactérie via la Red recombinase.

Hygro^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la hygromycine.

5

La **figure 3** est un schéma qui illustre l'étape de délétion partielle du gène codant la gp64 pour la préparation du BacMid 3.

Légende :

Chit : gène baculovirus codant la chitinase, gène non essentiel à la réplication virale.

10 Cath : gène baculovirus codant la cathepsine virale, gène non essentiel à la réplication virale.
gp64 : gène baculovirus codant la glycoprotéine gp64 virale, gène essentiel à la réplication virale.

gp64-Δ188 aa : gène gp64 délété de la région codant les 188 acides aminés C terminaux.

15 Fragment de recombinaison : fragment d'ADN contenant la cassette d'expression à intégrer dans l'ADN cible. Ce fragment présente des régions flanquantes de part et d'autre de la cassette d'expression pour pouvoir cibler spécifiquement la région qui subira la recombinaison homologue dans la bactérie via la Red recombinase.

Zeo^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la zéocine.

20 La **figure 4** est un schéma qui illustre le vecteur de transfert pVT/gp37 et son utilisation pour l'expression d'un gène X (où X est un gène différent du gène codant la chaîne lourde d'un anticorps).

Légende:

pVT : plasmide vecteur de transfert.

25 gp37 : gène baculovirus codant la glycoprotéine gp37, gène non essentiel à la réplication virale.

DNAPol : gène baculovirus codant l'ADN polymérase virale, gène essentiel à la réplication virale.

30 DNAPol-Δ466 aa : gène DNAPol délété de la région codant les 466 acides aminés C terminaux.

Gène exogène : gène d'intérêt.

Pr : promoteur viral ou cellulaire qui contrôle l'expression du gène exogène.

Hygro^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la hygromycine.

35

La **figure 5** est un schéma qui illustre la construction et l'utilisation du vecteur de transfert PH pVT/PH pour l'expression d'un gène exogène X (où X est un gène exogène différent du gène codant une chaîne légère d'un anticorps).

Légende:

- 5 pVT/PH : plasmide vecteur de transfert polyédrique.
 PH : tout ou partie du gène baculovirus codant la polyédrique, gène non essentiel à la réplication virale.
 ORF603: gène baculovirus codant la protéine 603.
 ORF1629 : gène baculovirus codant la protéine 1629, gène essentiel à la réplication virale.
 10 Gène exogène : gène d'intérêt.
 Pr : promoteur viral ou cellulaire qui contrôle l'expression du gène exogène.
 Kan^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la kanamycine.
 Mini-F : origine de réplication bactérienne.

- 15 La **figure 6** est un schéma qui illustre la construction et l'utilisation du vecteur de transfert pVT/gp37C_γ pour l'expression de la chaîne lourde d'un anticorps.

Légende :

- pVT : plasmide vecteur de transfert.
 pVT/gp37-C_γ1: plasmide vecteur de transfert spécifique de la chaîne lourde d'une
 20 immunoglobuline.
 C_γ1 : ADNc codant le domaine constant γ 1 d'une immunoglobuline humaine.
 VH : ADNc codant le domaine variable de la chaîne lourde d'une immunoglobuline.
 DNAPol : gène baculovirus codant l'ADN polymérase virale, gène essentiel à la réplication virale.
 25 DNAPol Δ 466 aa : gène DNAPol délété de la région codant les 466 acides aminés C terminaux.
 Gène exogène : gène d'intérêt.
 Pr : promoteur viral ou cellulaire qui contrôle l'expression du gène exogène.
 Hygro^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la
 30 hygromycine.
 PS : ADNc codant une séquence signal (sécrétion de la chaîne lourde).

La **figure 7** est un schéma qui illustre la construction et l'utilisation du vecteur de transfert pVT/PHC_K pour l'expression de la chaîne légère d'un anticorps.

Légende :

ORF603 : gène baculovirus codant la protéine 603.

ORF1629 : gène baculovirus codant la protéine 1629: gène essentiel à la réplication virale.

Mini-F : origine de réplication bactérienne.

5 pVT : plasmide vecteur de transfert.

pVT/PH-C κ : plasmide vecteur de transfert spécifique de la chaîne légère d'une immunoglobuline.

C κ : ADNc codant le domaine constant d'une immunoglobuline humaine.

VL : ADNc codant le domaine variable de la chaîne légère d'une immunoglobuline.

10 Pr : promoteur viral ou cellulaire qui contrôle l'expression du gène exogène.

Kan^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la kanamycine.

PS : ADNc codant une séquence signal (sécrétion de la chaîne légère).

La **figure 8** est un schéma qui illustre la construction du vecteur pVT/Chit-Cath et son
15 utilisation pour la production d'un gène exogène.

Légende :

pVT : Plasmide vecteur de transfert

pVT Chit/cath : Plasmide vecteur de transfert qui cible spécifiquement la région Chit/Cath.

Chit : gène baculovirus codant le chitinase non essentiel à la réplication virale

20 Cath : gène baculovirus codant la cathepsine non essentiel à la réplication virale

Gène exogène : gène d'intérêt.

Pr : promoteur viral ou cellulaire qui contrôle l'expression du gène exogène.

gp64 : gène baculovirus codant la gp64, gène essentiel à la réplication virale

gp64 Δ 188aa : gène codant la gp64 délétée de 566 bp en 3', ce qui conduit à la production
25 d'une gp64 non fonctionnelle présentant une délétion des 188 acides aminés C-terminaux.

Zeo^R : cassette d'expression bactérienne exprimant le gène de résistance à la zéocine.

La **figure 9** est A) l'analyse par Southern blot du génome de 3 baculovirus recombinants
indépendants purifiés générés au cours de la même transfection, et B) l'analyse de
30 l'anticorps recombinant après purification sur protéine A.

Légende :

A : analyse de l'organisation des génomes de 3 baculovirus recombinants indépendants
exprimant l'anticorps 13B8II. Ces baculovirus ont été isolés à partir d'une seule expérience
de transfection. Les hybridations réalisées respectivement avec une sonde spécifique de la
35 région constante de la chaîne légère kappa : sonde C κ et une sonde spécifique de la région

constante de la chaîne lourde gamma 1 : sonde Cy1 démontrent une organisation correcte et identique des 3 virus recombinants.

B. Analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide (SDS, 2-mercaptoéthanol) et coloration argentique de l'anticorps recombinant purifié. L'anticorps sécrété dans le milieu de culture des cellules infectées par le baculovirus recombinant a été purifié sur colonne de Protéine A Sepharose.

PC1 : Plasmide contrôle, plasmide contenant le gène de la chaîne légère kappa, PC2 : Plasmide contrôle, plasmide contenant le gène de la chaîne lourde γ 1, R1-3, baculovirus recombinant 1, 2 et 3, MW : marqueur de taille.

La **figure 10** est l'analyse en Southern blot du génome d'un virus triple recombinant exprimant les protéines M, HA et NA du virus de la grippe.

Légende :

M : gène du virus de la grippe codant la protéine de matrice.

HA : gène du virus de la grippe codant l'hémagglutinine.

NA : gène du virus de la grippe codant la neuraminidase.

bp : taille des fragments d'ADN exprimée en paire de base.

La **figure 11** est un schéma qui illustre en A la structure de l'anticorps bispécifique en B l'analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide de l'anticorps bispécifique purifié sur colonne de protéine A Sepharose.

Légende :

A : Représentation schématique de la structure de l'anticorps bispécifique. L1 : chaîne légère de l'anticorps 1 ; L2, chaîne légère de l'anticorps 2.

B : Anticorps bispécifique purifié, analysé par électrophorèse sur gel de polyacrylamide. Les protéines sont révélées par coloration argentique. (1) électrophorèse en conditions réductrices (SDS, 2-mercaptoéthanol). (2) électrophorèse en conditions non réductrices. H : chaîne lourde de l'anticorps, L : chaîne légère de l'anticorps, H2L4 : composition de l'anticorps bispécifique : 2 chaînes lourdes fusionnées reliées par 4 ponts disulfures au niveau de 2 régions charnières + 4 chaînes légères (2 chaînes L1 + 2 chaînes L2) appariées de manière spécifique aux régions VH1-CH1 et VH2-CH1 correspondantes.

Exemples

Exemple 1 : Construction d'un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel 1 gène essentiel à la réplication virale est non-fonctionnel (BacMid 1)

Le BacMid 1 présente la délétion d'un gène essentiel à la réplication virale, le gène 1629.

1.1. Intégration de l'origine de réplication bactérienne dans un génome du baculovirus

Cette opération est réalisée dans la cellule d'insecte.

L'origine de réplication bactérienne Mini-F a été introduite dans le locus polyédrique du génome de baculovirus AcMNPV par recombinaison homologue dans les cellules d'insectes Sf9 (*Spodoptera frugiperda*). Pour cela, les cellules ont été transfectées avec (i) un vecteur de transfert PH (pVT/Mini-F Kan^R) dans lequel la séquence du gène ph a été remplacée par un fragment d'ADN portant le Mini-F + une cassette d'expression bactérienne conférant la résistance à la Kanamycine (Kan^R), et (ii) un génome de baculovirus AcMNPV (Baculovirus isolé à partir du lépidoptère *Autographa californica*). Les baculovirus générés ont été purifiés par la technique des plages de lyse puis caractérisés afin de confirmer qu'ils avaient bien intégré le Mini-F et la cassette d'expression Kan^R. Un baculovirus a été sélectionné et a ensuite été transféré dans la bactérie *E. coli* EL350, générant ainsi un premier BacMid (BacMid 0, non déficient pour la réplication virale en cellules d'insecte).

1.2. Délétion du gène essentiel 1629

Une cassette d'expression bactérienne conférant la résistance à l'ampicilline (Amp^R) et présentant en 5' et 3' le site de restriction MauBI – site absent du génome de baculovirus AcMNPV – a été intégré en aval de la cassette d'expression bactérienne Kan^R par recombinaison homologue dans la bactérie *E. coli* EL350. Au cours de cette recombinaison, un fragment d'ADN codant les 27 acides aminés C-terminaux de la protéine 1629 a été délété, rendant la protéine 1629 non-fonctionnelle. Le gène de résistance à l'ampicilline a ensuite été éliminé après digestion par MauBI puis religation, générant ainsi le BacMid 1. Le génome du baculovirus (i.e. le BacMid 1) est alors déficient pour la réplication en cellules d'insectes, car un gène essentiel à la réplication virale (i.e. le gène codant la protéine 1629) est non-fonctionnel. Les bactéries contenant le BacMid 1 sont appelées ci-après « bactéries *E. coli* EL350/BacMid1 ».

La figure 1 illustre les étapes de préparation du BacMid 1.

Exemple 2 : Construction d'un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel 2 gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels (BacMid 2)

Le BacMid 2 présente la délétion de 2 gènes essentiels à la réplication virale, le gène 1629 et le gène codant l'ADN polymérase virale (DNAPol). A partir du BacMid 1, la délétion du gène DNAPol a été réalisée dans les bactéries *E. coli* EL350/BacMid1 après électroporation d'un fragment de recombinaison de 4222 bp dans lequel une partie des gènes codant la gp37 (240 acides aminés) et la DNAPol (466 acides aminés C-terminaux) a été déléetée et remplacée par une cassette d'expression bactérienne permettant la production d'hygromycine B phosphotransférase (Hygro^R) conférant ainsi la résistance à l'hygromycine (Hygro^R). Le gène Hygro^R a été placé sous le contrôle du promoteur bactérien EM7 (issu du vecteur commercial pSelect-Hygro-mcs, Invitrogen), le terminateur glms a été introduit en aval du gène Hygro^R (Gay N.J. et al. *Biochem J.*, 1986, 234, 111-117). Les bactéries contenant le BacMid2 (*E. coli* EL350/BacMid2) ont été sélectionnées pour leur résistance à l'hygromycine. Le génome de baculovirus (i.e. le BacMid 2) est déficient pour la réplication en cellules d'insectes, car deux gènes essentiels à la réplication virale (i.e. le gène codant la protéine 1689 et le gène codant DNAPol) sont non-fonctionnels.

La **figure 2** est un schéma qui illustre l'étape de délétion de DNAPol pour la préparation du BacMid 2.

Note : On peut utiliser le BacMid 2 pour produire une seule protéine (voir exemple 4). Il suffit d'avoir deux vecteurs de transfert, l'un apportant le gène exogène à produire et tout ou partie du gène déléeté 1 et l'autre apportant le gène sauvage correspondant au gène déléeté 2. Les deux gènes déléetés sont réparés lors de la recombinaison homologue.

Exemple 3 : Construction d'un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel 3 gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels (BacMid 3)

Le BacMid 3 présente la délétion de 3 gènes essentiels, 1629, DNAPol et gp64. A partir du BacMid 2, la délétion du gène gp64 a été effectuée dans les bactéries *E. coli* EL350/BacMid2 après électroporation d'un fragment de recombinaison de 3260pb dans lequel la totalité du gène de la cathepsine plus 779 bp de la séquence codant 259 aa de la chitinase et une partie du gène de la gp64, délétion de 566 bp codant 188 acides aminés, a

été remplacée par une cassette d'expression bactérienne conférant une résistance à la Zéocine (*Drocourt et al., Nucleic Acids Research, vol.18 n°13, 1990*). Le gène Zéocine® issu du plasmide commercial pCR®-Blunt (Invitrogen) a été placé sous contrôle du promoteur bactérien T5N25, issu du phage T5 (*Gentz and Bujard, J. Bacteriology, vol.164 n°1, 1985*) et
5 suivi du terminateur de transcription rrnBT1 (*E.coli* ribosomal RNA opéron T1 terminator) (*Kwon et al., J Biol. Chem., vol 274 n°41, 1999*). Les bactéries contenant le BacMid3 (*E. coli* EL350/BacMid3) ont été sélectionnées pour leur résistance à la Zéocine. Le génome de baculovirus (i.e. le BacMid 3) est déficient pour la réplication en cellules d'insectes, car trois gènes essentiels à la réplication virale (i.e. le gène codant la protéine 1689 et le gène codant
10 DNAPol et le gène codant gp64) sont non-fonctionnels.

La **figure 3** est un schéma qui illustre l'étape de délétion de gp64 pour la préparation du BacMid 3.

15 **Exemple 4 : Utilisation du BacMid 2**

Un vecteur de transfert pVT/gp37 a été construit pour pouvoir générer des baculovirus recombinants exprimant 2 gènes exogènes. Pour cela, le fragment EcoRI F du génome de baculovirus AcMNPV contenant le gène gp37 et le gène DNAPol a été cloné dans un plasmide bactérien pUC, générant ainsi le pUC/gp37.

20 Ce plasmide a ensuite été modifié de la façon suivante : une grande partie du gène codant la gp37 a été délété (724pb), l'ATG initiateur a été muté et remplacé par deux sites de restriction uniques XbaI et AvrII permettant l'intégration d'un gène exogène sous contrôle du promoteur naturel de la gp37. Ces modifications ont ainsi conduit à l'obtention du vecteur de transfert pVT/gp37.

25 Les cellules Sf9 ont été transfectées par lipofection avec les vecteurs de transfert pVT/PH et pVT/gp37 chargés avec les gènes exogènes et l'ADN du BacMid 2. Les virus générés après la recombinaison homologue ont été clonés par la méthode des plages de lyse. La production de la protéine recombinante a été vérifiée par une méthode adaptée (e.g. par exemple ELISA, Western blot, dosage enzymatique). Le génome des virus recombinants a été vérifié
30 par Southern blot et la séquence de l'exogène intégré dans le génome viral a été vérifiée par séquençage après amplification PCR.

La **figure 4** est un schéma qui illustre le vecteur de transfert pVT/gp37 pour l'expression d'un gène X (où X est un gène différent du gène codant la chaîne lourde d'un anticorps).

Les génomes de baculovirus recombinant générés après recombinaison homologue entre le BacMid2 et les vecteurs de transfert n'expriment plus la gp37 (protéine non-essentielle à la réplication virale).

Pour que l'ADN viral soit réparé dans les 2 locus, du BacMid 2, une seconde recombinaison doit avoir lieu avec un vecteur de transfert PH chargé ou non avec un gène exogène. Dans

Il sera possible également d'utiliser le pVT/PH contenant une séquence sauvage, c'est-à-dire contenant la cassette d'expression sauvage (non modifiée) conduisant à la production de polyédrine. Le pVT/PH pourra également être « vide » c'est-à-dire ne pas contenir de gène exogène ni le gène polyédrine.

La **figure 5** est un schéma qui illustre la construction et l'utilisation du vecteur de transfert PH pVT/PH pour l'expression d'un gène exogène X (où X est un gène exogène différent du gène codant une chaîne légère d'un anticorps).

Expression de la chaîne lourde d'un anticorps.

Construction d'un pVT/gp37 spécifique pVT/gp37-Cy1

Ce vecteur de transfert contient la cassette d'expression suivante :

- Promoteur viral P10 sauvage (SEQ ID NIO :1)
- Séquence d'ADN codant pour une séquence signal d'une immunoglobuline humaine (séquence de sécrétion)
- 2 sites de restriction uniques pour le clonage en phase de la région variable (VH) de l'anticorps (région qui donne la spécificité de l'anticorps)
- Séquence d'ADN qui code une région constante d'IgG (γ 1-4) epsilon, mu, ou alpha humaine.

La **figure 6** est un schéma qui illustre la construction et l'utilisation du vecteur de transfert pVT/gp37Cy1 pour l'expression de la chaîne lourde d'un anticorps.

Expression de la chaîne légère d'un anticorps.

Construction d'un pVT/PH-VL spécifique. Ce vecteur de transfert contient la cassette d'expression suivante :

- Promoteur viral P10 P10S1B (SEQ ID NO :2)
- Séquence d'ADN codant une séquence signal d'une immunoglobuline humaine (séquence de sécrétion)
- 2 sites de restriction uniques pour le clonage en phase de la région variable (VL) de l'anticorps (région qui donne la spécificité de l'anticorps)

- Séquence d'ADN qui code une région constante de chaîne légère kappa (κ) ou lambda (λ) d'IgG humaine.

La **figure 7** est un schéma qui illustre la construction et l'utilisation du vecteur de transfert pVT/PHC• pour l'expression de la chaîne légère d'un anticorps.

5

Exemple 5 : Utilisation du BacMid 3.

Un vecteur de transfert, pVT/Chit-Cath a été construit pour pouvoir générer des génomes de baculovirus recombinants exprimant 3 gènes exogènes.

Le fragment BstXI-XbaI issu des régions EcoRI E et H du baculovirus AcMNPV a été cloné dans un plasmide pUC. Une délétion EcoNI-EcoRI de 1175 pb permet d'inactiver les gènes codant la chitinase (*chiA*), non essentielle in vitro et la cathepsine (*v-cath*) non essentielle également. L'addition d'un site XbaI entre les sites EcoNI et EcoRI permet d'intégrer un gène exogène. Ces modifications ont ainsi conduit à l'obtention du vecteur de transfert pVT/Chit-Cath.

Les cellules Sf9 sont transfectées par lipofection avec les vecteurs de transfert pVT/PH, pVT/gp37 et pVT/chitCath chargés avec les gènes exogènes et l'ADN du BacMid 3. Les virus générés au cours de la recombinaison homologe ont été clonés par la méthode des plages de lyse. La production de la protéine recombinante a été contrôlée par une méthode adaptée, ELISA, Western blot, dosage enzymatique ... le génome des virus recombinants a été contrôlé par Southern blot et la séquence du gène exogène a été contrôlée après amplification PCR.

La **figure 8** est un schéma qui illustre la construction du vecteur pVT/Chit-Cath et sa recombinaison homologe avec le BacMid 3.

Exemple 6 : Production d'un anticorps monoclonal *anti-CD4 (13B8II)* en utilisant le BacMid 2.

Les ADNc codant les régions VH et VL de l'anticorps ont été intégrées respectivement dans les vecteurs de transfert pVT/PH-C• et pVT/gp37-C γ 1. Des baculovirus recombinants ont été générés après recombinaison homologe entre les 2 pVT et l'ADN du BacMid 2 de l'exemple 4 :

L'ADNc codant la région VL de l'anticorps a été introduite dans le pVTPH/Ck qui recombine avec la région PH/1629 du BacMid2,

L'ADNc codant la région VH de l'anticorps a été clonée dans le pVT/gp37-C γ 1 qui recombine avec la région gp37 du BacMid2.

Les cellules Sf9 ont été transfectées par lipofection avec le BacMid 2 et les 2 vecteurs de transfert obtenus dans l'exemple 4 puis incubées pendant 4 jours à 28°C. Les surnageants de culture ont été prélevés et les baculovirus recombinants générés, sécrétés dans le milieu de culture ont été clonés par la technique des plages de lyse.

5 L'organisation du génome des baculovirus recombinants a été contrôlée par Southern blot (voir figure 9) et les gènes exogènes intégrés (i.e. VL et VH) ont été vérifiés après amplification PCR, clonage puis séquençage.

10 **Exemple 7 : Utilisation du BacMid 3 pour la production de VLP (Virus-Like-Particle).**

Production de VLP de grippe

Pour produire ces VLPs, les 3 gènes du virus de la grippe, M, HA et NA ont été co-exprimés. Ces 3 gènes ont été intégrés dans les trois vecteurs de transfert nécessaires pour recombiner
15 avec le BacMid 3 de l'exemple 5 :

Le gène M a été introduit dans le vecteur de transfert pVT/PH comme décrit dans la figure 5.

Le gène HA a été introduit dans le vecteur de transfert pVT/gp37 comme décrit dans la figure 4.

20 Le gène NA a été introduit dans le vecteur de transfert pVT/Chit/Cath comme décrit dans la figure 8.

Les cellules Sf9 ont été transfectées par lipofection avec le BacMid 3 et les 3 vecteurs de transfert obtenus ci-dessus, puis incubées pendant 4 jours à 28°C. Les baculovirus recombinants générés puis sécrétés dans le surnageant de culture ont été clonés par la
25 méthode des plages de lyse.

L'organisation des génomes de baculovirus recombinants a été contrôlée par Southern blot (voir figure 10) et les gènes intégrés ont été vérifiés après amplification PCR, clonage puis séquençage. Le Southern blot a été réalisé sur l'ADN génomique du virus recombinant exprimant les 3 protéines HA, NA et M du virus de la grippe pour détecter les l'ADNc codant
30 les protéines M, HA et NA intégrées. Les membranes ont été hybridées avec des sondes spécifiques de ces 3 gènes.

Exemple 8 : Utilisation du BacMid 3 pour la production d'anticorps bispécifiques.

L'anticorps bispécifique construit selon le brevet (PCT/IB2012/053482) est constitué d'une chaîne lourde composée des domaines VH+CH1+CH2+CH3 d'un anticorps 1, fusionnée en N-terminal aux domaines VH+CH1 d'un anticorps 2. Des mutations introduites à l'interface des régions CL et CH1 de l'anticorps 1 favorisent les appariements corrects entre les domaines VL1 et VL2 des chaînes légères L1 et L2 qui sont produites séparément et les domaines VH1 et VH2 correspondants. La production de cet anticorps nécessite la production simultanée et en quantité égale de 3 chaînes, la chaîne lourde fusionnée, la chaîne légère L1 et la chaîne légère L2.

10 L'ADNc codant la chaîne légère L1 a été introduit dans le vecteur de transfert pVT/PH comme décrit dans la figure 5.

L'ADNc codant la chaîne légère L2 a été introduit dans le vecteur de transfert pVT/gp37 comme décrit dans la figure 4.

15 L'ADN c codant la chaîne lourde fusionnée a été introduit dans le vecteur de transfert pVT/Chit-Cath comme décrit dans la figure 8.

La **figure 11** est un schéma qui illustre en A la structure de l'anticorps bispécifique en B l'analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide de l'anticorps bispécifique purifié sur colonne de protéine A Sepharose.

REVENDEICATIONS

1. Procédé pour préparer, dans une cellule d'insecte, un baculovirus recombinant comprenant n gènes exogènes, par recombinaison homologue entre :

- 5 a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels ; et
- b) n vecteurs de transfert comprenant chacun:
- i) une séquence nucléotidique permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,
- 10 ii) un des n gènes exogènes,
- l'ensemble des séquences nucléotidiques i) des n vecteurs de transfert étant capables de restaurer la réplication du génome de baculovirus déficient pour la réplication ;
- n étant un nombre entier au moins égal à 2.

15

2. Procédé selon la revendication 1, dans lequel les gènes essentiels à la réplication virale sont choisis parmi 1629 (ORF9), Pk1 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain (ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92), helicase (ORF95), vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), 20 gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6).

3. Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 ou 2, dans lequel les n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnels sont chacun adjacents à un gène non-ess

25 essentiel à la réplication virale.

4. Procédé selon la revendication 3, dans lequel le gène non-ess

30 essentiel à la réplication virale est sélectionné parmi Ph (ORF 8), ORF11, ORF13, egt (ORF15), v-ubiquitin (ORF35), 39K (ORF36), ORF38, p43 (ORF39), lef-12 (ORF41), pcna (ORF49), ORF52, ORF55, Fp (ORF61), ORF63, gp37 (ORF64), ORF68, ORF72, ORF74, ORF82, cg30 (ORF88), ORF91, pif-4 (ORF96), he65 (ORF105), ORF108, ORF110, cathepsine (ORF127), p24 (ORF129), pp34 (ORF131), ORF134, ORF145, odv-e56 (ORF148), ORF5.

5. Procédé selon l'une quelconque des revendications 3 ou 4, dans lequel les *n* gènes exogènes recombinent chacun au niveau d'un gène non-essentiel à la réplication virale adjacent à un gène essentiel à la réplication virale non-fonctionnel.

5 **6.** Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, dans lequel les vecteurs de transfert comprennent, de part et d'autre de la cassette d'expression du gène exogène, des séquences flanquantes homologues au génome de baculovirus déficient pour la réplication.

10 **7.** Procédé selon la revendications 6, dans lequel les séquences flanquantes ont une longueur allant de 10 pb (i.e. 10 paires de bases) à 10 kb (i.e. 10 000 paires de bases), avantageusement allant de 100 pb à 6 kb, de préférence allant de 200 pb à 6 kb et, de manière tout à fait préférée allant de 400 pb à 6 kb.

15 **8.** Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 7, dans lequel la cellule d'insecte est sélectionnée parmi Sf9, Sf21, Tn5-b14, les lignées cellulaires de lépidoptères sensibles au baculovirus AcMNPV, les lignées Sf21, de préférence Sf9.

20 **9.** Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 8, dans lequel le génome de baculovirus déficient pour la réplication est obtenu à partir d'un génome de baculovirus sélectionné parmi ou dérivé du génome de BmNPV, AcMNPV, ApNPV, BsSNPV, CfMNPV, EoSNPV, HaNPV, HzNPV, LdMNPV, MbMNPV, OpMNPV, SIMNPV, SeMNPV ou TeNPV, de préférence AcMNPV.

25 **10.** Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 9, dans lequel *n* un nombre entier allant de 2 à 30, par exemple allant de 2 à 10.

11. Baculovirus recombinant comprenant *n* séquences nucléotidiques de formule (I) :
[gène exogène]-[séquence nucléotidique intercalaire]-[gène essentiel à la réplication virale fonctionnel] (I),

30 ladite séquence d'acides nucléiques intercalaire est constituée de 0 à 600 pb,
ledit gène essentiel à la réplication virale fonctionnel est sélectionné parmi 1629 (ORF9), Pk1 (ORF10), lef-1 (ORF14), ORF34, lef-11 (ORF37), p47 (ORF40), lef8 (ORF50), DNAJ domain (ORF51), ORF53, vp1054 (ORF54), Lef-9 (ORF62), DNA Pol (ORF65), lef-3 (ORF67), ORF73, ORF75, ORF81, p95 (ORF83), vp39 (ORF89), lef-4 (ORF90), p33 (ORF92),

helicae (ORF95), Vp80 (ORF104), ORF106-107, odv-ec43 (ORF109), gp64/67 (ORF128), ORF132, ORF133, odv-ec27 (ORF144), ORF146, ie1 (ORF147), lef-2 (ORF6);

n étant un nombre entier au moins égal à 2,

ledit baculovirus recombinant ne comprend pas de séquence d'acides nucléiques qui lui permet de se répliquer au sein d'une cellule bactérienne.

12. Baculovirus recombinant selon la revendication 11, ne comprenant pas n gènes non-essentiels à la réplication virale choisis parmi Ph (ORF 8), ORF11, ORF13, egt (ORF15), v-ubiquitin (ORF35), 39K (ORF36), ORF38, p43 (ORF39), lef-12 (ORF41), pcna (ORF49), ORF52, ORF55, Fp (ORF61), ORF63, gp37(ORF64), ORF68, ORF72, ORF74, ORF82, cg30 (ORF88), ORF91, pif-4 (ORF96), he65 (ORF105), ORF108, ORF110, Cathepsine (ORF127), p24 (ORF129), pp34 (ORF131), ORF134, ORF145, odv-e56 (ORF148), ORF5.

13. Jeu d'éléments de recombinaison homologue comprenant :

a) un génome de baculovirus déficient pour la réplication dans lequel n gènes essentiels à la réplication virale sont non-fonctionnels ;

b) n vecteurs de transfert comprenant chacun:

i) une séquence d'acides nucléiques permettant de restaurer la fonction d'un des n gènes essentiels à la réplication virale non-fonctionnel,

ii) éventuellement un gène exogène,

n étant un nombre entier au moins égal à 2.

14. Cellule comprenant un baculovirus recombinant selon l'une quelconque des revendications 11 ou 12 ou un jeu d'éléments de recombinaison homologue selon la revendication 13.

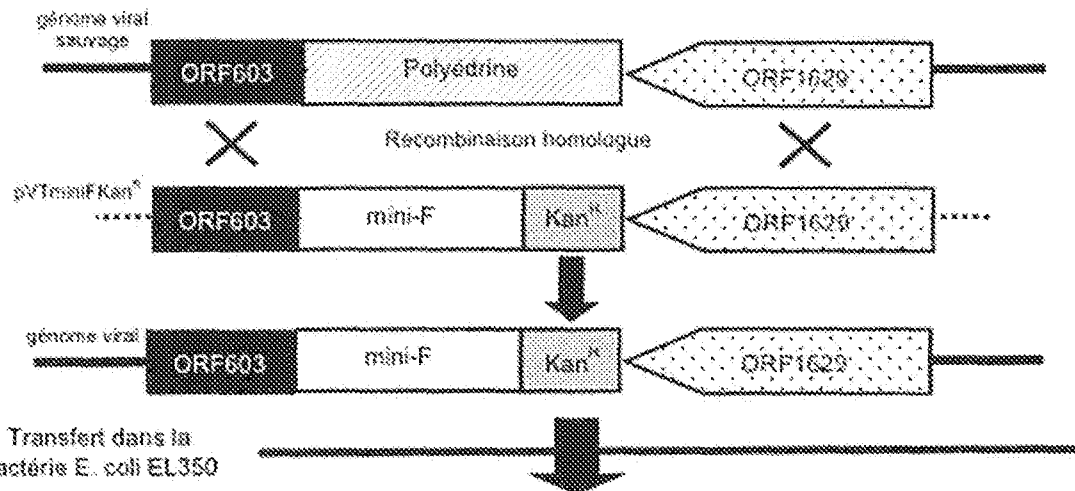
15. Utilisation d'un baculovirus recombinant selon l'une quelconque des revendications 11 ou 12 ou d'une cellule selon la revendication 14 pour la production de n polypeptides exogènes codés par n gènes exogènes.

1/11

Figure 1

Cellule d'insecte

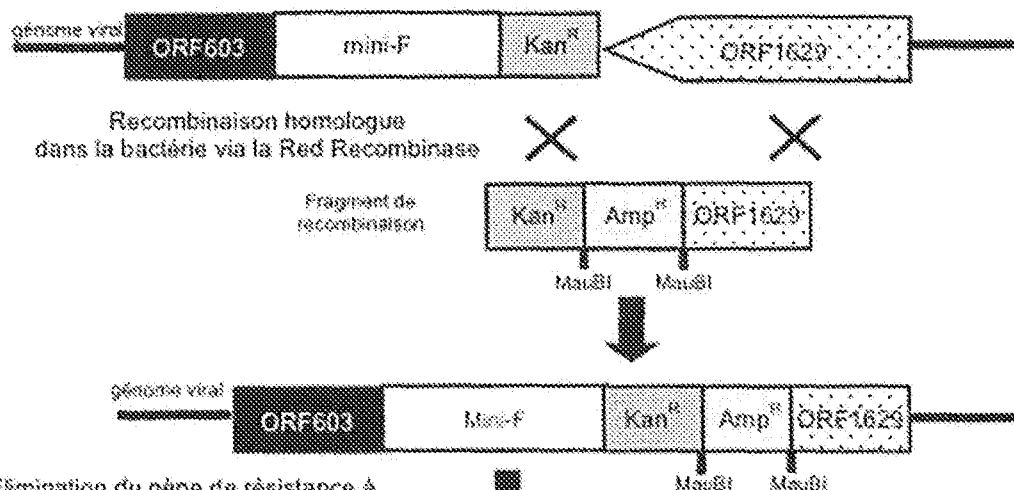
1. Introduction de l'origine de réplication bactérienne mini-F et d'une cassette exprimant le gène de résistance à la kanamycine Kan^r dans le génome du baculovirus



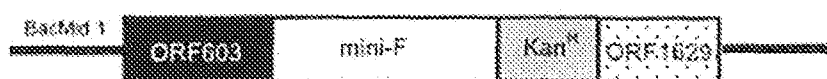
2. Transfert dans la bactérie *E. coli* EL350

Bactérie *E. coli* EL350

3. Introduction du gène de résistance à l'ampicilline



4. Élimination du gène de résistance à l'ampicilline. Digestion MauBI/reliation

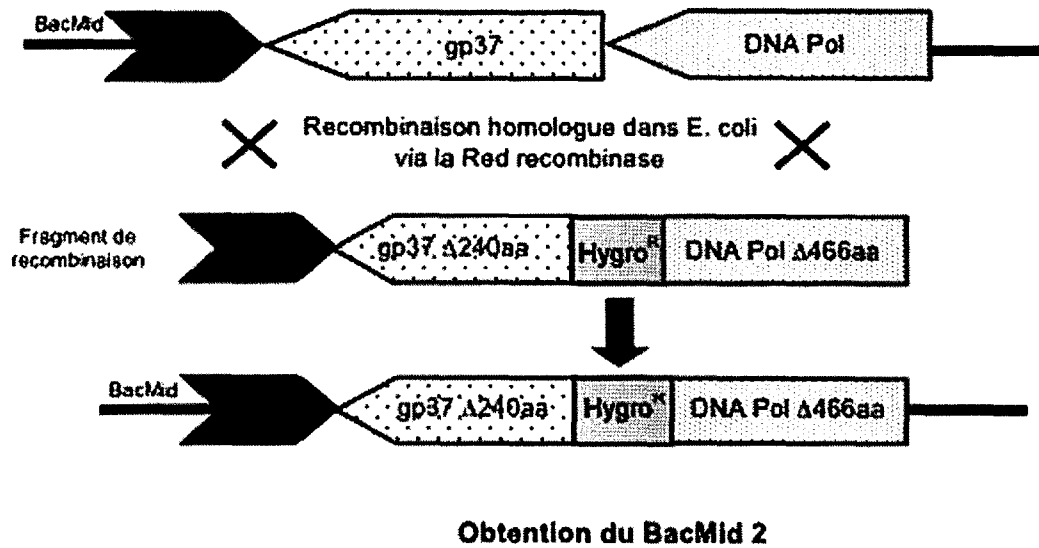


Obtention du BacMid 1

2/11

Figure 2

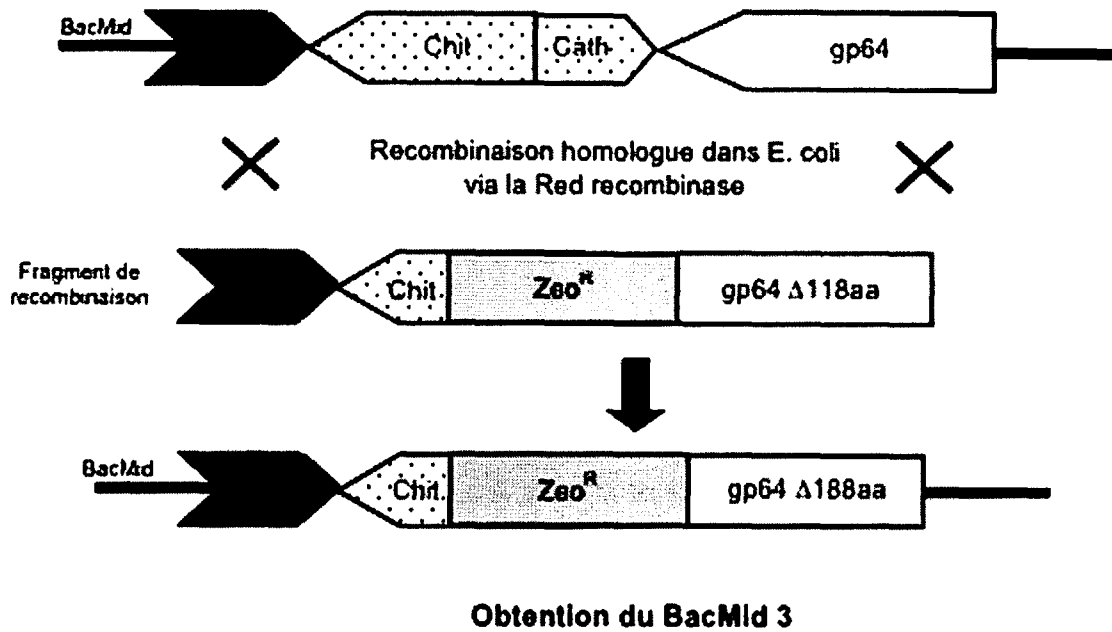
5



3/11

Figure 3

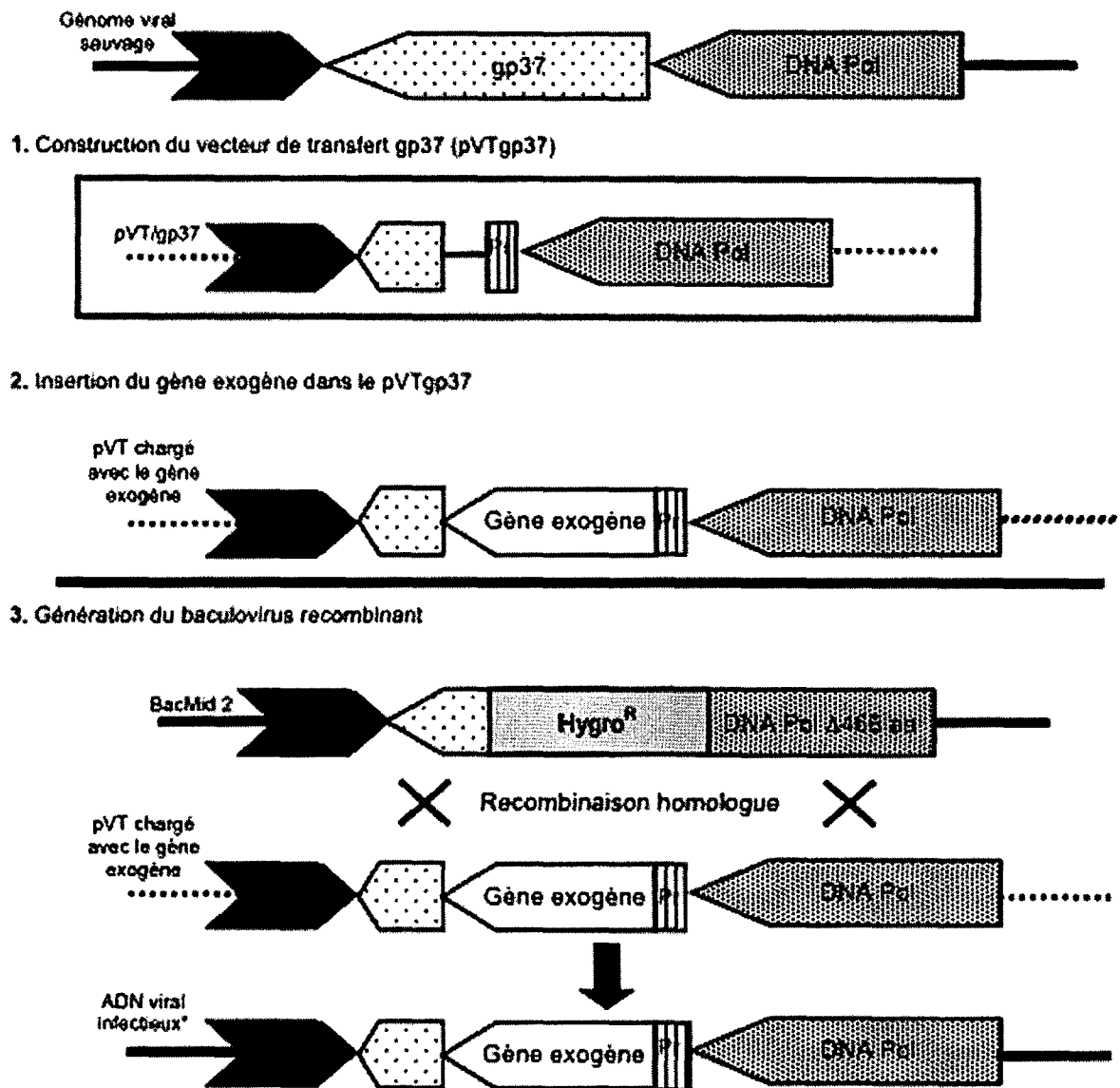
5



4/11

Figure 4

5



(*) ADN viral infectieux si la recombinaison dans le locus PH s'est produite également.

5/11

Figure 5

5

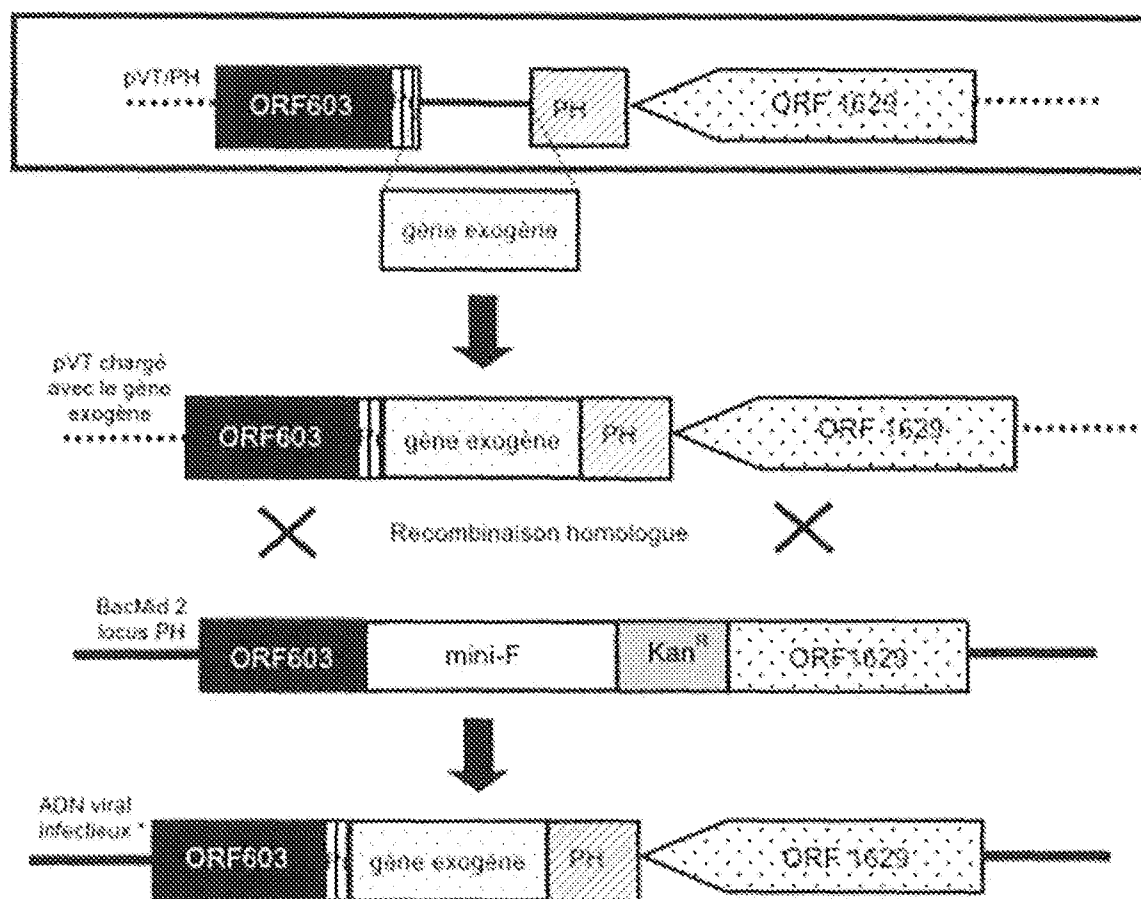
10

15

20

25

30



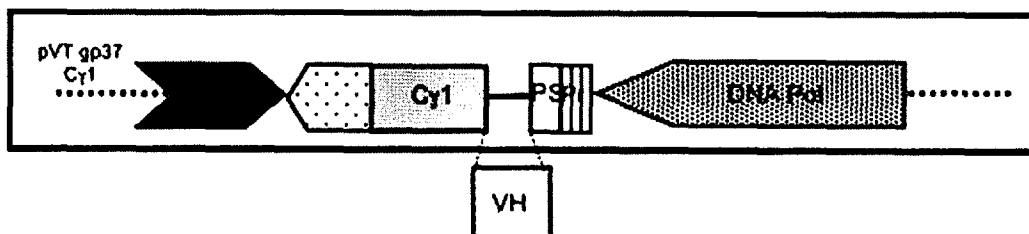
6/11

Figure 6

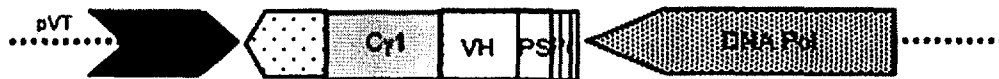
1. Construction d'un pVT/gp37 spécifique (pVT/gp37-C γ 1)

Ce vecteur de transfert contient la cassette d'expression suivante :

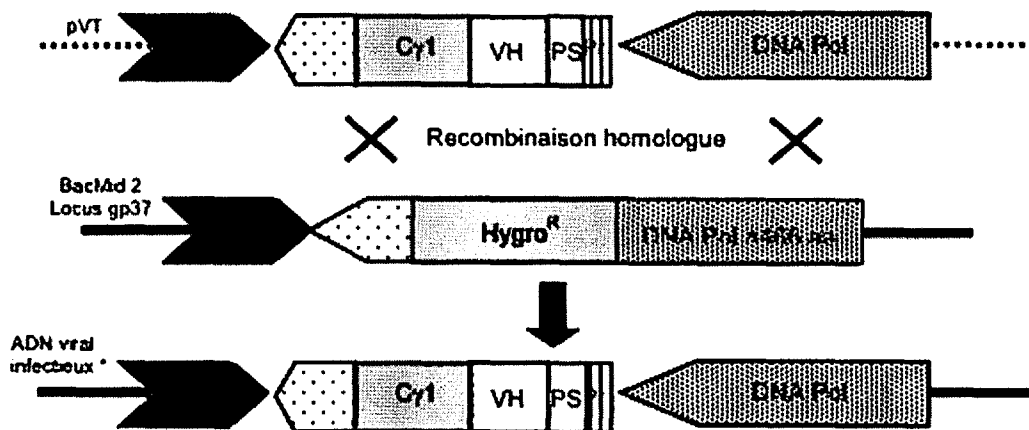
- . Promoteur viral P10
- . Séquence d'ADN codant pour une séquence signal d'une immunoglobuline humaine (séquence de sécrétion)
- . 2 sites de restriction uniques pour le clonage en phase de la région variable (VH) de l'anticorps (région qui donne la spécificité de l'anticorps)
- . Séquence d'ADN qui code une région constante d'IgG (γ 1-4.) epsilon, mu, ou alpha humaine.



2. Insertion du ADNc codant la région variable de l'anticorps (VH). Il y a alors reconstitution de l'ADNc codant la totalité de la chaîne lourde



3. Génération des baculovirus recombinants. Recombinaison entre le pVTgp37 chargé avec la chaîne lourde + le pVTPH chargé avec la chaîne légère + Bacmid 2



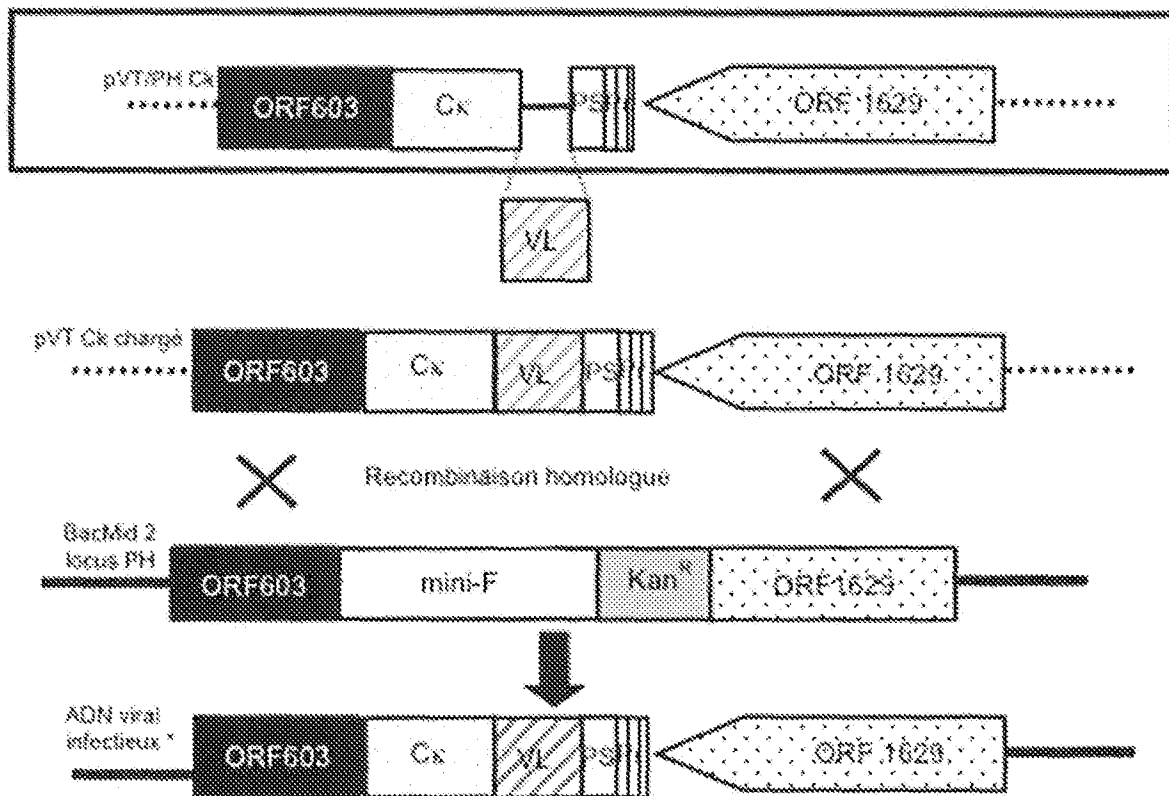
5

(*) ADN viral infectieux si la recombinaison dans le locus PH s'est produite également.

7/11

Figure 7

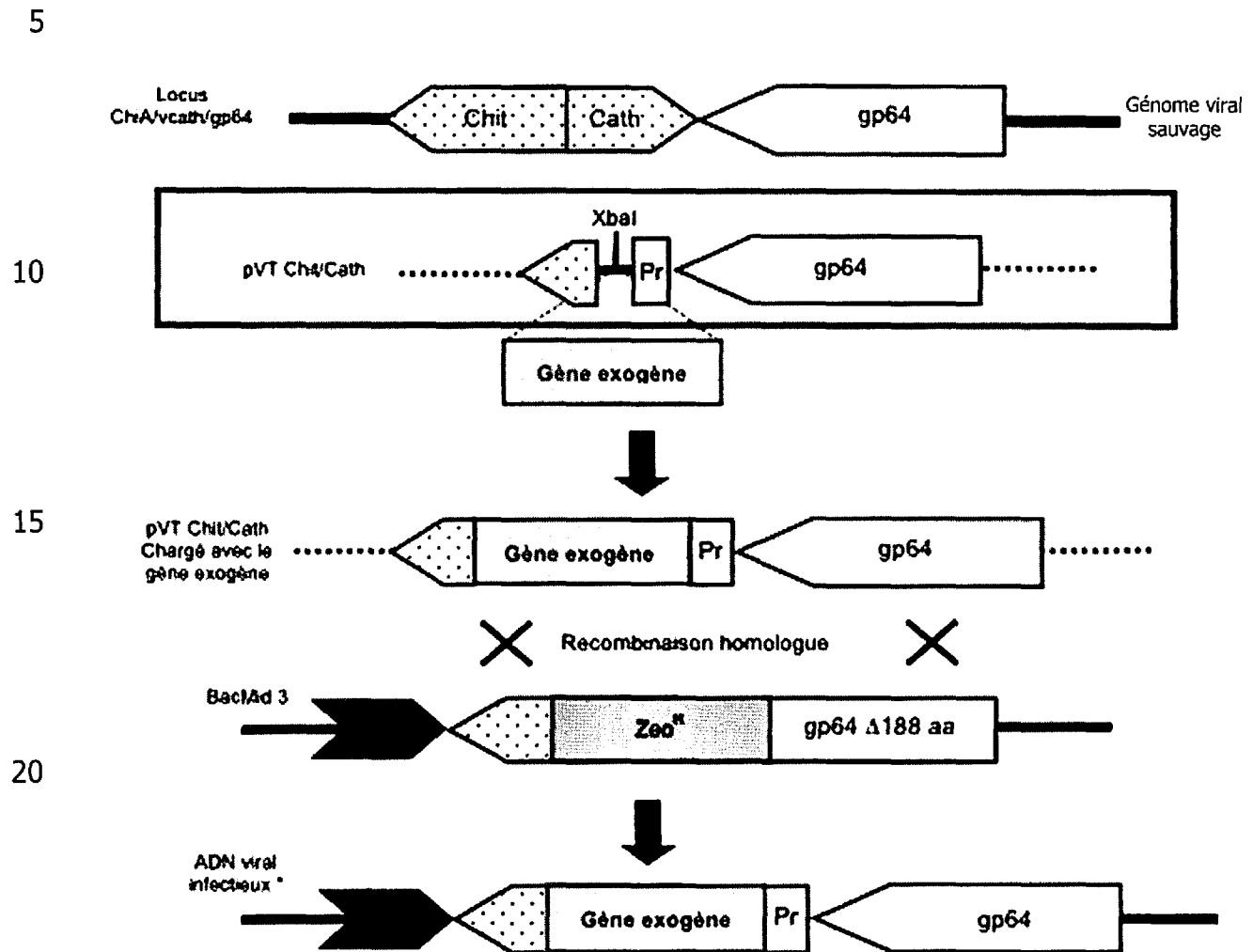
5



(*) ADN viral infectieux si la 2^{ème} recombinaison locus gp37 s'est produite également.

8/11

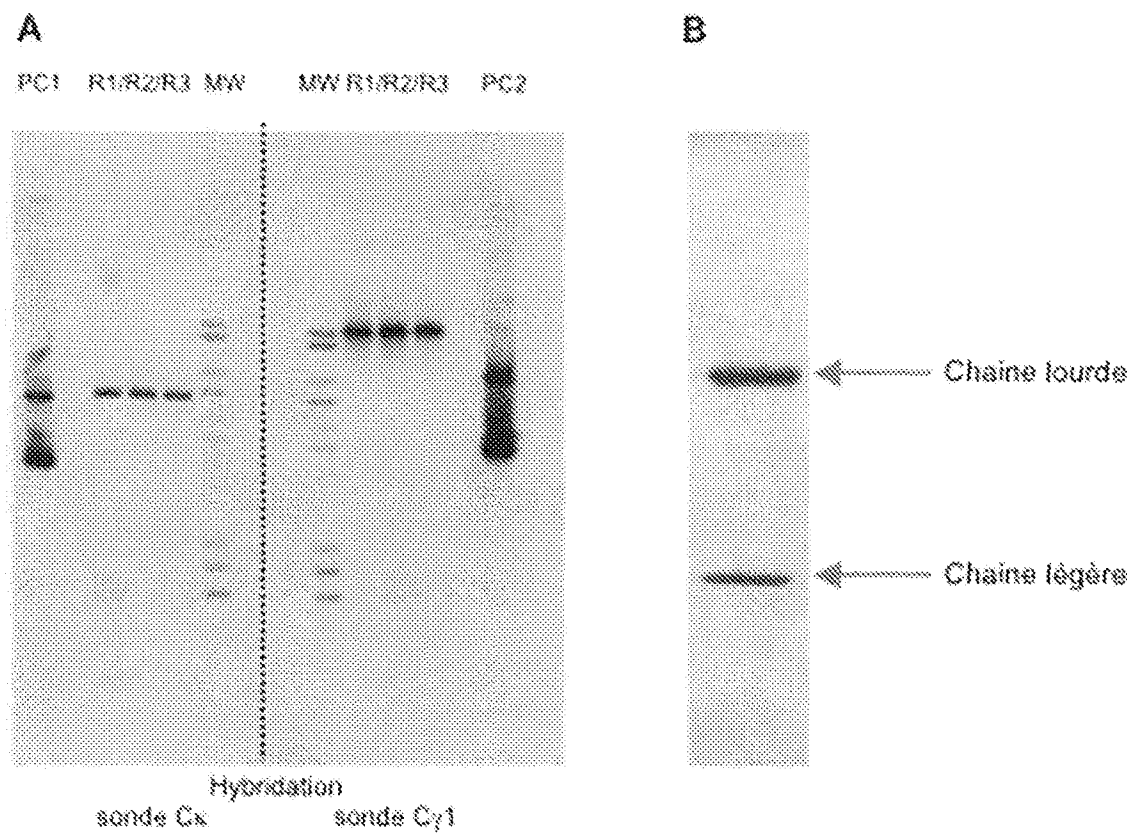
Figure 8



(*) ADN viral infectieux si les 2 autres recombinaisons, effectuées respectivement dans les locus PH et gp37 se sont produites également.

Figure 9

5



10/11

Figure 10

5

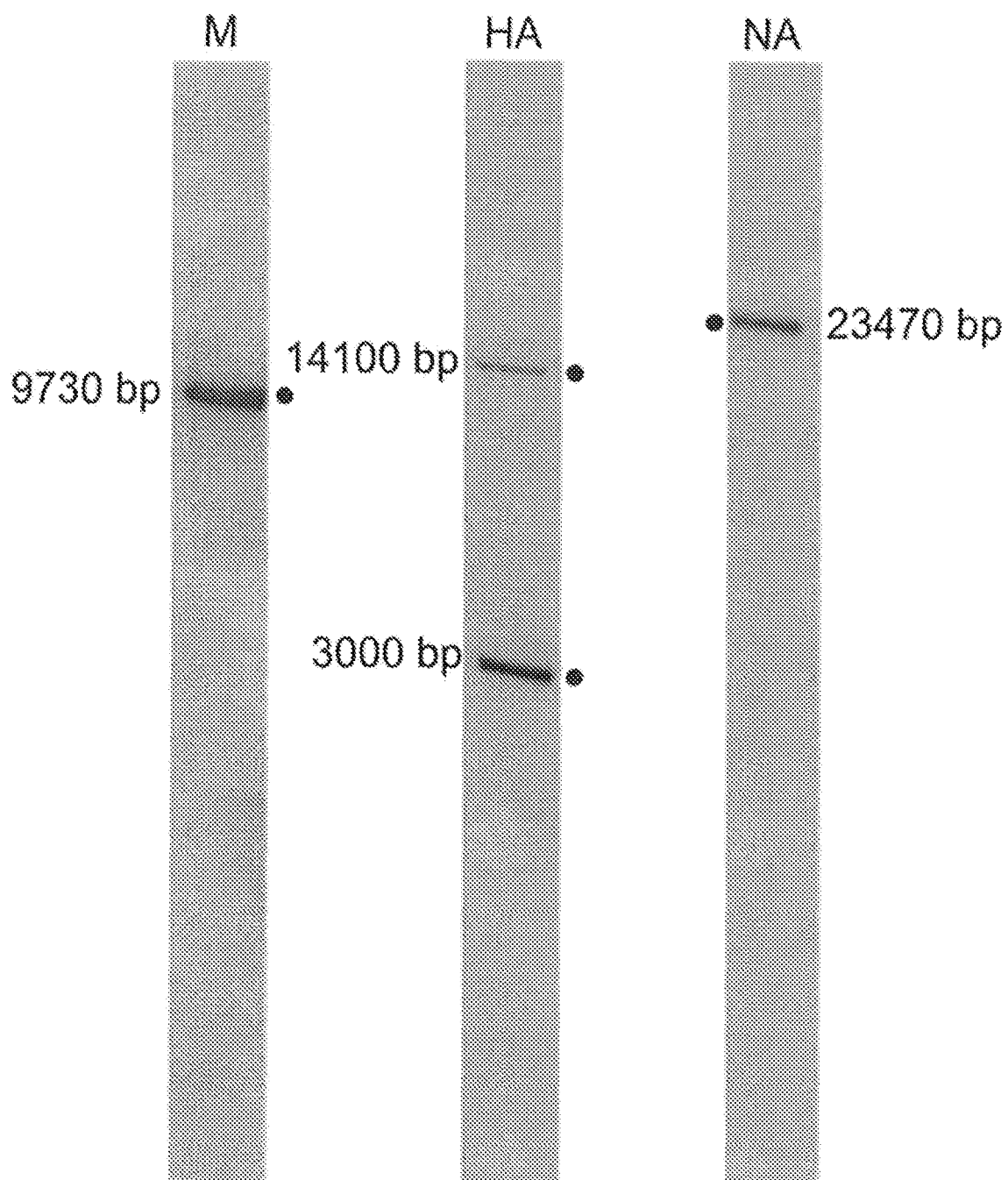
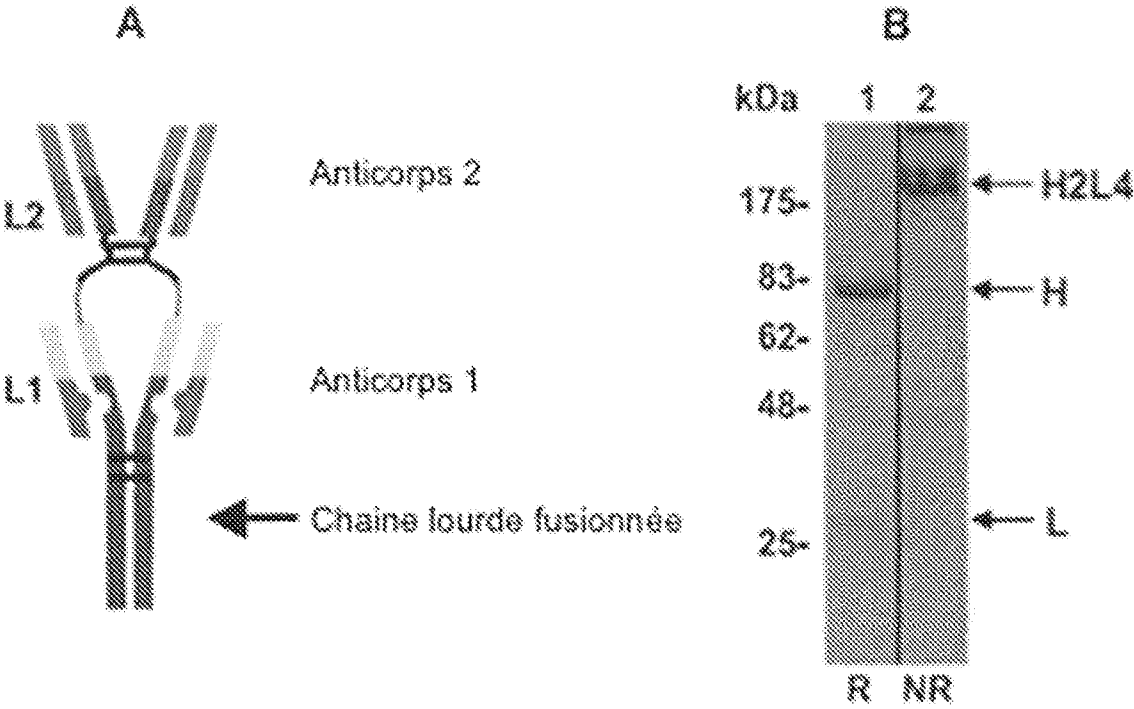


Figure 11

5



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No
PCT/FR2017/052191

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

INV. C07K14/005 C12N7/00 C12N15/63 C12N15/86
ADD.

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

C07K C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, FSTA, IBM-TDB

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 01/12829 A2 (UNIV OXFORD BROOKES [GB]; NATURAL ENVIRONMENT RES [GB]; POSSEE ROBERT) 22 February 2001 (2001-02-22) the whole document en particulier page 5 paragraphe 1-page 8 paragraphe 3; page 29 paragraphe 1 ----- -/-	1-15



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

11 October 2017

Date of mailing of the international search report

19/10/2017

Name and mailing address of the ISA/

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Dumont, Elisabeth

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/FR2017/052191

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	POSSEE ROBERT D ET AL: "Generation of Baculovirus Vectors for the High-Throughput Production of Proteins in Insect Cells", BIOTECHNOLOGY AND BIOENGINEERING, WILEY & SONS, HOBOKEN, NJ, US, vol. 101, no. 6, 1 December 2008 (2008-12-01), pages 1115-1122, XP002552791, ISSN: 0006-3592, DOI: 10.1002/BIT.22002 [retrieved on 2008-06-04] abstract page 1120, col. 1 paragraphe 2-col. 2 paragraphe 2 -----	1-15
X	WO 2010/055292 A2 (LONDON SCHOOL OF HYGIENE & TRO [GB]; ROY POLLY [GB]; NOAD ROBERT JAMES) 20 May 2010 (2010-05-20)	11,12, 14,15
A	the whole document en particulier page 2, lignes 18-34; page 7, dernier paragraphe; exemples 3 et 4; revendication 15 -----	1-10,13
X	YUTA KANAI ET AL: "Multiple large foreign protein expression by a single recombinant baculovirus: A system for production of multivalent vaccines", PROTEIN EXPRESSION AND PURIFICATION., vol. 91, no. 1, 1 September 2013 (2013-09-01), pages 77-84, XP055324848, SAN DIEGO, CA. ISSN: 1046-5928, DOI: 10.1016/j.pep.2013.07.005	11,12, 14,15
A	the whole document en particulier abrégé; page 79, col. 1 paragraphe 2; Table 1; Fig. 2 -----	1-10,13
A	POUL M-A ET AL: "Design of cassette baculovirus vectors for the production of therapeutic antibodies in insect cells", IMMUNOTECHNOLOGY, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS BV, NL, vol. 1, no. 3, 1 December 1995 (1995-12-01), pages 189-196, XP004052721, ISSN: 1380-2933, DOI: 10.1016/1380-2933(95)00019-4 the whole document en particulier abrégé et discussion. ----- -/--	1-15

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/FR2017/052191

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	LAKSHMI S VIJAYACHANDRAN ET AL: "Gene gymnastics: Synthetic biology for baculovirus expression vector system engineering", BIOENGINEERED, vol. 4, no. 5, 1 September 2013 (2013-09-01), pages 279-287, XP055145260, ISSN: 2165-5979, DOI: 10.4161/bioe.22966 the whole document en particulier fig. 2 -----	1-15
A	G. P. PIJLMAN: "Spontaneous excision of BAC vector sequences from bacmid-derived baculovirus expression vectors upon passage in insect cells", JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY., vol. 84, no. 10, 1 October 2003 (2003-10-01), pages 2669-2678, XP055414049, GB ISSN: 0022-1317, DOI: 10.1099/vir.0.19438-0 the whole document en particulier abrégé; page 2676, col. 1, paragraphe 3 lignes 1-3 et col. 2, dernier paragraphe -----	11,12, 14,15

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International application No

PCT/FR2017/052191

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 0112829	A2	22-02-2001	AT 342998 T 15-11-2006
		AU 782205 B2 14-07-2005	
		CA 2346998 A1 22-02-2001	
		CA 2681966 A1 22-02-2001	
		DE 60031369 T2 30-08-2007	
		DK 1144666 T3 19-02-2007	
		EP 1144666 A2 17-10-2001	
		IL 142596 A 26-11-2008	
		US 7413732 B1 19-08-2008	
		US 2008254528 A1 16-10-2008	
		WO 0112829 A2 22-02-2001	

WO 2010055292	A2	20-05-2010	AU 2009315471 A1 20-05-2010
		BR PI0921907 A2 25-08-2015	
		CA 2740714 A1 20-05-2010	
		CL 2015000113 A1 19-06-2015	
		CN 102245777 A 16-11-2011	
		CN 105400818 A 16-03-2016	
		CO 6420360 A2 16-04-2012	
		EP 2358883 A2 24-08-2011	
		ES 2616855 T3 14-06-2017	
		JP 5986381 B2 06-09-2016	
		JP 2012508004 A 05-04-2012	
		JP 2016101164 A 02-06-2016	
		KR 20110089420 A 08-08-2011	
		MX 340956 B 29-07-2016	
		PH 12014501252 A1 05-10-2015	
		RU 2011114814 A 20-12-2012	
		RU 2014145441 A 20-06-2015	
		SG 10201509570T A 30-12-2015	
		UA 106733 C2 10-10-2014	
		US 2011281261 A1 17-11-2011	
		US 2016090575 A1 31-03-2016	
		WO 2010055292 A2 20-05-2010	
		ZA 201103286 B 31-10-2012	
		ZA 201203945 B 31-01-2013	

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale n°

PCT/FR2017/052191

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE INV. C07K14/005 C12N7/00 C12N15/63 C12N15/86 ADD.		
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB		
B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement) C07K C12N		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche		
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si cela est réalisable, termes de recherche utilisés) EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, FSTA, IBM-TDB		
C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie*	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	WO 01/12829 A2 (UNIV OXFORD BROOKES [GB]; NATURAL ENVIRONMENT RES [GB]; POSSEE ROBERT) 22 février 2001 (2001-02-22) le document en entier en particulier page 5 paragraphe 1-page 8 paragraphe 3; page 29 paragraphe 1 ----- -/--	1-15
☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents ☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe		
* Catégories spéciales de documents cités:		
"A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée) "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée "T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention "X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément "Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier "&" document qui fait partie de la même famille de brevets		
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée 11 octobre 2017		Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale 19/10/2017
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Fax: (+31-70) 340-3016		Fonctionnaire autorisé Dumont, Elisabeth

C(suite). DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie*	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	POSSEE ROBERT D ET AL: "Generation of Baculovirus Vectors for the High-Throughput Production of Proteins in Insect Cells", BIOTECHNOLOGY AND BIOENGINEERING, WILEY & SONS, HOBOKEN, NJ, US, vol. 101, no. 6, 1 décembre 2008 (2008-12-01), pages 1115-1122, XP002552791, ISSN: 0006-3592, DOI: 10.1002/BIT.22002 [extrait le 2008-06-04] abrégé page 1120, col. 1 paragraphe 2-col. 2 paragraphe 2 -----	1-15
X	WO 2010/055292 A2 (LONDON SCHOOL OF HYGIENE & TRO [GB]; ROY POLLY [GB]; NOAD ROBERT JAMES) 20 mai 2010 (2010-05-20)	11,12, 14,15
A	le document en entier en particulier page 2, lignes 18-34; page 7, dernier paragraphe; exemples 3 et 4; revendication 15 -----	1-10,13
X	YUTA KANAI ET AL: "Multiple large foreign protein expression by a single recombinant baculovirus: A system for production of multivalent vaccines", PROTEIN EXPRESSION AND PURIFICATION., vol. 91, no. 1, 1 septembre 2013 (2013-09-01), pages 77-84, XP055324848, SAN DIEGO, CA. ISSN: 1046-5928, DOI: 10.1016/j.pep.2013.07.005	11,12, 14,15
A	le document en entier en particulier abrégé;page 79, col. 1 paragraphe 2; Table 1; Fig. 2 -----	1-10,13
A	POUL M-A ET AL: "Design of cassette baculovirus vectors for the production of therapeutic antibodies in insect cells", IMMUNOTECHNOLOGY, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS BV, NL, vol. 1, no. 3, 1 décembre 1995 (1995-12-01), pages 189-196, XP004052721, ISSN: 1380-2933, DOI: 10.1016/1380-2933(95)00019-4 le document en entier en particulier abrégé et discussion. ----- -/--	1-15

C(suite). DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie*	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	LAKSHMI S VIJAYACHANDRAN ET AL: "Gene gymnastics: Synthetic biology for baculovirus expression vector system engineering", BIOENGINEERED, vol. 4, no. 5, 1 septembre 2013 (2013-09-01), pages 279-287, XP055145260, ISSN: 2165-5979, DOI: 10.4161/bioe.22966 le document en entier en particulier fig. 2 -----	1-15
A	G. P. PIJLMAN: "Spontaneous excision of BAC vector sequences from bacmid-derived baculovirus expression vectors upon passage in insect cells", JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY., vol. 84, no. 10, 1 octobre 2003 (2003-10-01), pages 2669-2678, XP055414049, GB ISSN: 0022-1317, DOI: 10.1099/vir.0.19438-0 le document en entier en particulier abrégé; page 2676, col. 1, paragraphe 3 lignes 1-3 et col. 2, dernier paragraphe -----	11,12, 14,15

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Demande internationale n°

PCT/FR2017/052191

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 0112829	A2	22-02-2001	AT 342998 T 15-11-2006
		AU 782205 B2 14-07-2005	
		CA 2346998 A1 22-02-2001	
		CA 2681966 A1 22-02-2001	
		DE 60031369 T2 30-08-2007	
		DK 1144666 T3 19-02-2007	
		EP 1144666 A2 17-10-2001	
		IL 142596 A 26-11-2008	
		US 7413732 B1 19-08-2008	
		US 2008254528 A1 16-10-2008	
		WO 0112829 A2 22-02-2001	

WO 2010055292	A2	20-05-2010	AU 2009315471 A1 20-05-2010
		BR PI0921907 A2 25-08-2015	
		CA 2740714 A1 20-05-2010	
		CL 2015000113 A1 19-06-2015	
		CN 102245777 A 16-11-2011	
		CN 105400818 A 16-03-2016	
		CO 6420360 A2 16-04-2012	
		EP 2358883 A2 24-08-2011	
		ES 2616855 T3 14-06-2017	
		JP 5986381 B2 06-09-2016	
		JP 2012508004 A 05-04-2012	
		JP 2016101164 A 02-06-2016	
		KR 20110089420 A 08-08-2011	
		MX 340956 B 29-07-2016	
		PH 12014501252 A1 05-10-2015	
		RU 2011114814 A 20-12-2012	
		RU 2014145441 A 20-06-2015	
		SG 10201509570T A 30-12-2015	
		UA 106733 C2 10-10-2014	
		US 2011281261 A1 17-11-2011	
		US 2016090575 A1 31-03-2016	
		WO 2010055292 A2 20-05-2010	
		ZA 201103286 B 31-10-2012	
		ZA 201203945 B 31-01-2013	
