

+
1

Castillo Grau & Asociados
ABOGADOS

Señores
DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO
Bogotá, D.C.

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 14-121983- -00007-0000

Fecha: 2016-02-25 16:35:16 Dep. 2020 DIR NUEVASCR
Tra 11 PATENTEIYII Eve 378 FASENACIONALI
Act 329 CTOINFORMACION Folios. 29

Re.: Código 011-378-444
Expediente No. 14-121983
Fase nacional de Solicitud
de Patente PCT
MEDIMMUNE, LLC

HM

En relación con el expediente de la referencia y dando cumplimiento a la última providencia recaída sobre este asunto por medio del presente escrito me permito manifestarles lo siguiente:

1. De conformidad con precisas instrucciones de mi representada, modifico el título de esta solicitud como sigue:

ANTICUERPOS ESPECIFICOS PARA HER3

2. Igualmente, por instrucciones de la sociedad solicitante se modifica el capítulo reivindicatorio que ha sido debidamente revisado y corregido de conformidad con las observaciones efectuadas por el Examinador.
3. La reivindicación 1 ha sido modificada para mencionar los seis CDR's con secuencias amino ácidas específicas, cada uno de los cuales está referenciado pro SEQ ID No.

De la reivindicación 1 también se ha eliminado la expresión "aislado".

Al haberse mencionado en la reivindicación 1 los seis CDR'S con secuencias amino ácidas específicas, allí si indican las características estructurales del anticuerpo.

Con respecto a la objeción formulada por el Examinador acerca de que la estructura definida en términos de una fórmula no define de manera concreta la secuencia de los anticuerpos reclamados, , mi representada, luego de modificar la reivindicación 1 según se establece arriba, considera que una persona versada en la materia técnica correspondiente podría entender las regiones variables de cadena pesada y ligera comprenden tanto CDR's como regiones del marco, por lo tanto indicando que los

Castillo Grau & Asociados
ABOGADOS

citados CDR's se encuentran dentro de las regiones variables de cadena pesada y ligera. Adicionalmente, incluir [FW1] a [FW8] permite una definición más precisa de la región del marco en las reivindicaciones dependientes.

Con respecto a la objeción sobre la definición de los aminoácidos X1 a X7 la sociedad solicitante considera que al haberse especificado los seis CDR's con secuencias amino ácidas específicas, esta objeción queda superada.

4. La reivindicación 2 ha sido cancelada.
5. La reivindicación 5 ha sido cancelada.
6. La reivindicación 7 ha sido cancelada, en tanto que, con respecto a la reivindicación 8 (ahora reivindicación 4) , la sociedad solicitante manifiesta que una persona versada en la materia técnica correspondiente podría entender que no todos los anticuerpos o fragmentos de enlace de antígenos de los mismos comprenden una región constante de cadena pesada.

Por lo tanto, la nueva reivindicación 4 restringe las reivindicaciones de las cuales depende, indicando que los anticuerpos reclamados o los fragmentos de enlace de antígenos de los mismos comprenden una región de cadena pesada, la cual es una característica estructural. Por lo tanto la nueva reivindicación 4 es clara.

7. En lo que tiene que ver con las reivindicaciones originales 9 – 11 , mi representada considera que una persona versada en la materia técnica correspondiente entendería claramente que "las expresiones 2 región constante de IgG" y "región constante kappa humana" o "región constante lambda humana" son características estructurales, y que no todas las moléculas o fragmentos de enlace de antígenos de los mismos comprenden regiones constantes de cadena pesada o de cadena ligera. Además, al referirse a una región constante, una persona versada en la materia entendería los parámetros estructurales y por tanto las secuencias amino ácidas específicas no son requeridas para definir esa región constante. Por lo tanto, mi representada considera que las nuevas reivindicaciones 5 – 7 (antes 9 – 11) son claras.
8. De la reivindicación 7 (antes 11) se ha eliminado la expresión "por lo menos" y se ha adicionado una frase más específica.

Castillo Grau & Asociados
ABOGADOS

9. Con relación a la reivindicación 12 (ahora 8) se ha eliminado la expresión "totalmente humano", sin embargo la sociedad solicitante afirma que una persona versada en la materia técnica correspondiente entendería términos como "humanizado", "quimérico", "monoclonal", "policlonal", "recombinante" y "multiespecífico" que son ampliamente utilizados en esta ciencia y su significado en la descripción de anticuerpos.
Adicionalmente, la descripción en los párrafos [0077], [0081]-[0083], [0092], [0172] y [0180] en la versión original PCT proveen explicaciones de las características técnicas descritas por esos términos. Por lo tanto la sociedad solicitante considera que la nueva reivindicación 8 es clara a la luz de la técnica correspondiente.
10. La reivindicación 14 (ahora 10) se ha modificado según sugerencia del Examinador.
11. La reivindicación 15 (ahora 11) se ha modificado según sugerencia del Examinador
12. La reivindicación 16 (ahora 12) se ha modificado según sugerencia del Examinador
13. La reivindicación 17 (ahora 13) se ha modificado según sugerencia del Examinador
14. Las reivindicaciones 19 a 21 han sido canceladas.
15. Se adjunta a este escrito el listado de secuencias de conformidad con la solicitud PCT originalmente presentada.
16. Con respecto a las objeciones sobre presunta falta de nivel inventivo de la materia reivindicada, la sociedad solicitante desea manifestar lo siguiente:
 - a.) Sostiene el Examinador que al efectuar una comparación entre la anterior reivindicación 1 y D1, se considera que D1 es el estado de la técnica más cercano a lo definido en dicha reivindicación 1 ya que divulga proteínas de unión específicas a HER3, métodos para producirlos y composiciones que los comprenden. El Examinador sostiene que la diferencia entre la reivindicación 1 y D1 reside en las secuencias de los CDR's que se suministran en la reivindicación 1 utilizando las variables X1-X7, y que están claramente establecidas en D1. Afirma el Examinador que no hay evidencia de un efecto técnico asociado con la modificación en la secuencia de los CDR's en los anticuerpos tal y como están reivindicados, ya que no hay resultados que demuestren la actividad de ningún anticuerpo salvo 2C2.

A
4

Castillo Gran & Asociados
ABOGADOS

Para superar esta objeción, la sociedad solicitante ha modificado la reivindicación 1 para reclamar 6 CDR's, con secuencias amino ácidas específicas. D1 no revela ni sugiere anticuerpos con los citados CDR's. Adicionalmente, la presente solicitud revela la actividad de un anticuerpo o de una fragmento de enlace al antígeno que comprenden los CDR's reclamados en la nueva reivindicación 1.

Por lo anterior, en virtud de las modificaciones realizadas al capítulo reivindicatorio esta objeción por falta de nivel inventivo debe eliminarse.

- b.) Con respecto a D2, el Examinador sostiene que este antecedente revela anticuerpos monoclonales que se unen e inhiben la activación del receptor 3 del factor de crecimiento epidérmico Erb83/HER3, útiles para el tratamiento de enfermedades y desordenes proliferativos asociados con la activación de de Erb83/HER3.

La sociedad solicitante ha modificado la reivindicación 1 para reclamar los 6 CDR's con secuencias de amino ácidos específicas. Ninguno de los antecedentes D1 o D2, solos o en combinación, revelan o sugieren anticuerpos con los CDR's reclamados. Adicionalmente, la presente solicitud revela la actividad de un anticuerpo o de una fragmento de enlace al antígeno del mismo que comprenden los CDR's reclamados en la reivindicación 1. Ni D1 ni D2, solos o en combinación, revelan ni sugieren que un anticuerpo o de una fragmento de enlace al antígeno del mismo que comprenden los CDR's reclamados tendrían la actividad revelada en esta solicitud.

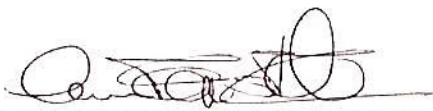
Por lo anterior, en virtud de las modificaciones realizadas al capítulo reivindicatorio esta objeción por falta de nivel inventivo debe eliminarse.

Adjunto el comprobante de pago por reivindicaciones adicionales por valor de \$ 132.000.00, recibo No. 16-0017882

Castillo Grau & Asociados
ABOGADOS

Renuncio al término faltante de traslado, y les solicito proceder a otorgar el privilegio de patente de invención aquí tramitado.

De Ustedes Atentamente,



LUIS FELIPE CASTILLO GIBSONE
T.P. No. 68.995 del C.S.J.

REIVINDICACIONES

1. Un anticuerpo o un fragmento de enlace al antígeno del mismo que específicamente se une a HER3 que comprende una región variable de la cadena liviana de un anticuerpo (VL) y una región variable de la cadena pesada de un anticuerpo (VH), que se caracteriza porque la VL comprende la secuencia de aminoácidos:
 [FW₁]SGSLSNIGLNYVS(SEQ ID NO:19) [FW₂]RNNQRPS(SEQ ID NO:21)[FW₃]
 AAWDDSPGGEA(SEQ ID NO:23)[FW₄],
 que se caracteriza porque [FW₁], [FW₂], [FW₃] y [FW₄] representan regiones del marco de VL, y que se caracteriza porque VH comprende la secuencia de amino ácidos:
 [FW₅]YYVMQ(SEQ ID No. 3)[FW₆][YIGSSGGVTNYADSVKG(SEQ ID NO:32)
 FW₇]VGLGDAFDI(SEQ ID No: 35)[FW₈],
 que se caracteriza porque [FW₅], [FW₆], [FW₇] y [FW₈] representan las regiones del marco de VH.
2. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno de la reivindicación 1, que se caracteriza porque FW₁ comprende las SEQ ID NO: 40 o 44, FW₂ comprende la SEQ ID NO: 41, FW₃ comprende la SEQ ID: 42, FW₄ comprende la SEQ ID NO: 43, FW₅ comprende la SEQ ID NO: 36, FW₆ comprende la SEQ ID NO: 37, FW₇ comprende la SEQ ID NO: 38, y FW₈ comprende la SEQ ID NO: 39.
3. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno de la reivindicación 1, la cual comprende una VL que comprende la SEQ ID NO: 3 y una VH que comprende la SEQ ID NO: 2.
4. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, que comprende una región constante de la cadena pesada.
5. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo de la reivindicación 4, que se caracteriza porque la región constante de la cadena pesada o fragmento de la misma es una región constante IgG seleccionada de entre una región constante IgG1, una región constante IgG2, una región constante IgG3 y una región constante IgG4.
6. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, que comprende una región constante de la cadena liviana seleccionada de entre grupo compuesto por una región constante kappa humana y una región constante lambda humana.
7. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo de las reivindicaciones 5 o 6, que comprende una región constante IgG, y que se caracteriza porque una a nueve

sustituciones de aminoácidos del dominio constante de IgG se selecciona de entre el grupo compuesto por:

- (a) sustitución del aminoácido en la posición 252 por Tirosina (Y), Fenilalanina (F), Triptófano (W), o Treonina (T),
 - (b) sustitución del aminoácido en la posición 254 por Treonina (T),
 - (c) sustitución del aminoácido en la posición 256 por Serina (S), Arginina (R), Glutamina (Q), Ácido glutámico (E), Ácido aspártico (D), o Treonina (T),
 - (d) sustitución del aminoácido en la posición 257 por Leucina (L),
 - (e) sustitución del aminoácido en la posición 309 por Prolina (P),
 - (f) sustitución del aminoácido en la posición 311 por Serina (S),
 - (g) sustitución del aminoácido en la posición 428 por Treonina (T), Leucina (L), Fenilalanina (F), o Serina (S),
 - (h) sustitución del aminoácido en la posición 433 por Arginina (R), Serina (S), Isoleucina (I), Prolina (P), o Glutamina (Q),
 - (i) sustitución del aminoácido en la posición 434 por Triptófano (W), Metionina (M), Serina (S), Histidina (H), Fenilalanina (F), o Tirosina, y
 - (j) una combinación de dos o más de las anteriores sustituciones,
- que se caracteriza porque la numeración aparece de acuerdo con el índice de la UE tal como está establecido en Kabat.

8. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, que se caracteriza porque el anticuerpo es un anticuerpo humanizado, un anticuerpo quimérico, un anticuerpo monoclonal, un anticuerpo policlonal, un anticuerpo recombinante, un anticuerpo multi-específico o un fragmento de enlace al antígeno del mismo, y que se caracteriza porque el fragmento de unión al antígeno es Fv, Fab, F(ab')₂, Fab', dsFv, scFv, o sc(Fv)₂.

9. El anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo de la reivindicación 11, que comprende (i) una cadena liviana de anticuerpo que comprende una VL del anticuerpo que comprende la SEQ ID NO: 3 y una región constante de la cadena ligera lambda humana, y (ii) una cadena pesada de anticuerpo que comprende una VH del anticuerpo que comprende la SEQ ID NO: 2 y una región constante de la cadena pesada de la IgG1 humana, que se caracteriza porque la región constante de la IgG1 humana comprende sustituciones de aminoácidos relativas al dominio constante de la IgG1 humana de tipo silvestre en las posiciones 252, 254 y 256, que se caracteriza porque la numeración aparece de acuerdo con el índice de la UE tal como está establecido en Kabat, y que se caracteriza porque:

- (a) el aminoácido en la posición 252 (Metionina) es sustituido por Tirosina (Y),
- (b) el aminoácido en la posición 254 (Serina) es sustituido por treonina (T), y
- (c) el aminoácido en la posición 256 (Treonina) es sustituido por Ácido glutámico (E).

10. Una composición que comprende el anticuerpo o un fragmento del mismo de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, donde la composición es estable en refrigerador y comprende 25 mM histidina / histidina HCl, 205 mM sacarosa, y 0,02% de polisorbato 80 a pH 6,0 .
11. Un ácido nucleico que comprende una secuencia que codifica la secuencia amino ácida del anticuerpo de cualquiera de las reivindicaciones 1-7 a 9, que comprende . una región variable de la cadena liviana de un anticuerpo (VL) y una región variable de la cadena pesada de un anticuerpo (VH), que se caracteriza porque la VL comprende la secuencia de aminoácidos:
 [FW1]SGSLSNIGLNYVS(SEQ ID NO:19)[FW2]RNNQRPS(SEQ ID NO:21)[FW3]AAWDDSPGGEA(SEQ ID NO:23)[FW4]
 que se caracteriza porque [FW1], [FW2], [FW3] y [FW4] representan regiones del marco de VL, y en donde el VH comprende la secuencia de amino ácidos:
 [FW5]YYMQ(SEQ ID NO:31)[FW6]YIGSSGGVTNYADSVKG(SEQ ID NO:32)
 [FW7]VGLGDAFDI(SEQ ID NO:35)[FW8]
 que se caracteriza porque [FW5], [FW6], [FW7] y [FW8] representan regiones del marco de VH.
12. Un vector que comprende un ácido nucleico de acuerdo con la reivindicación 11 en el que el vector es un vector de expresión de mamífero que comprende un origen de replicación, un promotor adecuado y un potenciador unido al gen a ser expresado. .
13. Una célula huésped que comprende una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la reivindicación 11 o el vector de acuerdo con la reivindicación 12 en donde la célula huésped es una célula (CHO) de ovario de hámster chino .
14. Un método para hacer el anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, que comprende: (a) cultivar la célula de la reivindicación 13; y (b) aislar el anticuerpo o fragmento de enlace al antígeno del mismo.

Her3-100W01_SL
SEQUENCE LISTING

<110> MedImmune, LLC

<120> BINDING MOLECULES SPECIFIC FOR HER3 AND USES THEREOF

<130> HER3-100W01

<160> 48

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 110

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 1

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Ser Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 2

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Tyr
20 25 30

Her3-100W01_SL

Tyr Met Gln Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45

Ser Tyr Ile Gly Ser Ser Gly Gly Val Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
 100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser
 115

<210> 3
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 3

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Leu Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro
 85 90 95

Pro Gly Glu Ala Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 4
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>

Her3-100w01_SL

<223> Synthetic sequence

<400> 4

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Gly Leu
85 90 95

Pro Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 5

<211> 110

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 5

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Ile Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

Her3-100w01_SL

<210> 6
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 6

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
 85 90 95

Ser Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 7
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 7

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Leu Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Her3-100w01_SL

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Ser Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 8
<211> 110
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 8

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Pro Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 9
<211> 110
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 9

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Her3-100w01_SL

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Ser Gly Glu Ala Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 10
<211> 110
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 10

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro
85 90 95

Ser Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 11
<211> 110
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 11

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

Her3-100w01_SL

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95

Arg Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 12

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 12

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Tyr
20 25 30

Tyr Met Gln Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Ile Ile Gly Ser Ser Gly Gly Val Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser
115

Her3-100W01_SL

<210> 13
 <211> 118
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 13

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Tyr
 20 25 30

Tyr Met Gln Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45

Ser Val Ile Gly Ser Ser Gly Gly Val Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
 100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser
 115

<210> 14
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 14

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Her3-100w01_SL
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro
 85 90 95

Pro Gly Glu Ala Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 15
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 15

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro
 85 90 95

Pro Gly Glu Ala Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 16
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 16

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Her3-100w01_SL

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro
 85 90 95

Ser Gly Glu Ala Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 17
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 17

Gln Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1 5 10 15

Arg Val Thr Met Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn
 20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
 35 40 45

Ile Ser Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
 85 90 95

Ser Gly Glu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105 110

<210> 18
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 18

Her3-100w01_SL
 Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn Tyr Val Ser
 1 5 10

<210> 19
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 19

Ser Gly Ser Leu Ser Asn Ile Gly Leu Asn Tyr Val Ser
 1 5 10

<210> 20
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 20

Arg Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Leu Asn Tyr Val Ser
 1 5 10

<210> 21
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 21

Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser
 1 5

<210> 22
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 22

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Ser Gly Glu Val
 1 5 10

<210> 23
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

Her3-100w01_SL

<400> 23

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro Pro Gly Glu Ala
1 5 10

<210> 24

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 24

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro Ser Gly Glu Ala
1 5 10

<210> 25

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 25

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Pro Gly Glu Val
1 5 10

<210> 26

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 26

Ala Ala Trp Asp Asp Gly Leu Pro Gly Glu Val
1 5 10

<210> 27

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 27

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Ile Gly Glu Val
1 5 10

<210> 28

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

Her3-100W01_SL

<223> Synthetic sequence

<400> 28

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Ser Gly Glu Ala
1 5 10

<210> 29

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 29

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Pro Ser Gly Glu Val
1 5 10

<210> 30

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 30

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Arg Gly Glu Val
1 5 10

<210> 31

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 31

Tyr Tyr Tyr Met Gln
1 5

<210> 32

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic sequence

<400> 32

Tyr Ile Gly Ser Ser Gly Gly Val Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

Her3-100w01_SL

<210> 33
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 33

Ile Ile Gly Ser Ser Gly Gly Val Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1 5 10 15

Gly

<210> 34
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 34

Val Ile Gly Ser Ser Gly Gly Val Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1 5 10 15

Gly

<210> 35
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 35

Val Gly Leu Gly Asp Ala Phe Asp Ile
 1 5

<210> 36
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 36

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser
 20 25 30

Her3-100w01_SL

<210> 37
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 37

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser
 1 5 10

<210> 38
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 38

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

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

<210> 39
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 39

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

<210> 40
 <211> 22
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 40

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

Arg Val Thr Ile Ser Cys
 20

<210> 41
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

Her3-100W01_SL

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 41

Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Ser
1 5 10 15

<210> 42
<211> 32
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 42

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser
1 5 10 15

Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
20 25 30

<210> 43
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 43

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
1 5 10

<210> 44
<211> 22
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic sequence

<400> 44

Gln Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15

Arg Val Thr Met Ser Cys
20

<210> 45
<211> 330
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 45

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys

Her3-100w01_SL

1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
 20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
 35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
 50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
 65 70 75 80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
 85 90 95

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
 100 105 110

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
 115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
 130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
 145 150 155 160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
 165 170 175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
 180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
 195 200 205

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
 210 215 220

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
 225 230 235 240

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
 245 250 255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
 260 265 270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

Her3-100w01_SL

275 280 285

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
 290 295 300

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
 305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 325 330

<210> 46
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 46

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
 1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
 20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
 35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
 50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
 65 70 75 80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
 85 90 95

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
 100 105 110

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
 115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Tyr Ile Thr Arg Glu Pro Glu Val Thr Cys
 130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
 145 150 155 160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
 165 170 175

Her3-100w01_SL

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
 180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
 195 200 205

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
 210 215 220

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
 225 230 235 240

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
 245 250 255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
 260 265 270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
 275 280 285

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
 290 295 300

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
 305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 325 330

<210> 47
 <211> 648
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 47
 cagtacgaat tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag tgtcaccatg 60
 tcttggttctg ggagcagctc caatatcgga cttaattatg taccctggta ccagcacctc 120
 ccaggaacgg cccccaact cctcatctct aggaataatc agcggccctc aggggtccct 180
 gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccgg 240
 tccgaagatg aggctgatta ttattgtgca gcatgggatg acagcctgag tgggtgagga 300
 ttcggcggag ggaccaagct gaccgtcctc ggtcagccca aggctgcccc ctcgggtcact 360
 ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
 agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtaag 480
 gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540

Her3-100w01_SL
 tacctgagcc tgacgcctga gcagtggaaag tcccacagaa gctacagctg ccagggtcacg 600
 catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccttcag aatgctct 648

<210> 48
 <211> 356
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Synthetic sequence

<400> 48
 gaagttcaat tgtagagtc tggtagcgggt cttgttcagc ctggtgggtc tttagctctt 60
 tcttgcgctg cttccggatt cactttctct tattactata tgcagtgggt tcgccaagct 120
 cctggtaaag gtttgagtg ggtttcttat atcggttctt ctggtggcgt tactaattat 180
 gctgactccg ttaaaggctg cttcactatc tctagagaca actctaagaa tactctctac 240
 ttgcagatga acagcttaag ggctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagtaggt 300
 cttggggatg cttttgatat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc aagcgc 356

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT : 800.176.089-2

- / -

29



RECIBO DE CAJA

No. 16 - 0017882

Bogotá D.C., Febrero 25 de 2016 - 15:57:03

RECIBIDO DE : CASTILLO GRAU & ASOCIADOS LTDA.

NI 800.098.704

*** Soporte del Pago ***

TIPO PAGO	BANCO	CUENTA	No. PAGO	FECHA PAGO	VR. PAGO
CONSIGNACION	BANCO DE BOGOTA	062754387	745654980	25/02/2016	259.912.00

*** Conceptos Pagados ***

CANT. RENTISTICO	CONCEPTO	Vr.UNDITARIO	Vr.CONCEPTO
1 50005-01-09 OTROS SERVICIOS DE PROPIEDAD INDUSTRIAL	99 OTROS SERVICIOS ADMINISTRATIVOS	132.000.00	132.000.00
			\$132.000.00
			=====

SON: **CIENTO TREINTA Y DOS MIL PESOS MONEDA CORRIENTE***

Responsable: _____

Recibo de Caja Aplicado al Expediente No. _____

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 14-121983- -00007-0000

Fecha: 2016-02-25 16:35:16 Dep. 2020 DIR NUEVASCR
Tra. 11 PATENTEIYII Eve 378 FASENACIONALI
Act. 329 CTOINFORMACION Folios: 29

Sede Centro: Carrera 13 No. 27 - 00 Pisos 3,4,5 y 10 Bogotá, D.C.- Colombia

Web: www.sic.gov.co e-mail: info@sic.gov.co Conmutador: (571) 5870000 Fax: (571) 5870284 Línea: 018000-910165 Call Center: (571) 6513240

Febrero 25 de 2016 - 15:57:04