

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO	
RAD: 14-122453- -11	FECHA: 2016-03-08 12:09:45
DEP: 2020 DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES	EVE: 378 FASE NACIONAL INCLUIDO CAPITULO I
TRA: 11 PCT-PATENTE DE INVENCION CAPITULOS I Y II	FOLIOS: 6
ACT: 519 TRASLADOINFORME	

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

2020
Bogotá, D.C.,

Abogado(a)/Señor(a)
HELENA CAMARGO WILLIAMSON

Asunto: Radicación: 14-122453- -11
Trámite: 11
Evento: 378
Actuación: 519
Oficio: 2297
Folios: 6

Patente de Invención	X			Patente de Modelo de Utilidad	
Vía Nacional					
Vía PCT (Fase Nacional)	X	Capítulo I	X	Capítulo II	
No. Solicitud Internacional	PCT/EP2012/072699				
Fecha de Presentación Internacional	15/11/2012				

Como resultado del examen de fondo realizado, con fundamento en el Artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se comunica:

1. Documentos estudiados

Descripción:	Radicado N° 14-122453-00000-0000	06/Junio/2014
Reivindicaciones:	Radicado N° 14-122453-00000-0000 Radicado N° 14-122453-00010-0000	06/Junio/2014 10/Noviembre/2015
Dibujos:	Radicado N° 14-122453-00000-0000	06/Junio/2014
Secuencias:	Radicado N° 14-122453-00000-0000	06/Junio/2014
Prioridad:	US 61/560,144 US 61/560,149 US 61/560,162 US 61/560,178 US 61/560,183 US 61/651,474 US 61/651,486	15/Noviembre/2011 15/Noviembre/2011 15/Noviembre/2011 15/Noviembre/2011 15/Noviembre/2011 24/Mayo/2012 24/Mayo/2012

2. Análisis de la Prioridad

Se acepta la reivindicación de prioridad porque ésta solicitud fue presentada dentro del plazo establecido (Art. 9 D 486) y su contenido técnico corresponde con el de la prioridad reivindicada.

3. Objeto de la invención

De acuerdo con lo establecido en el numeral 1.2.2.2 del Título X de la Circular Única para efectos del examen de patentabilidad, se tendrá en cuenta la tasa pagada por el solicitante al momento de comenzar el examen para las reivindicaciones adicionales; esto es que cuando la solicitud contenga más de diez (10) reivindicaciones y no se haya pagado la tasa complementaria, sólo se estudiarán las cubiertas por la tasa pagada. En la presente solicitud se estudiarán las 17 reivindicaciones del radicado N° 14-122453-00010-0000.

Título de la solicitud: “Moléculas de unión para BCMA y CD3”.

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de desarrollar herramientas efectivas contra el tratamiento del mielo múltiple y/o trastornos autoinmunes asociados.

Para resolver este problema técnico la solicitud en estudio proporciona medios y métodos que comprenden una molécula de unión biespecífica con un primer dominio de unión a células T citotóxicas y con un segundo dominio de unión a BCMA.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): C07K16/28, A61K 39/395, A61P 35/02, A61P 37/00

4. No es una invención (Art 15 D 486 literal (b))

El objeto de la reivindicación 17 no se considera una invención, de acuerdo con el Art citado, ya que a pesar de que se encabeza como “*método*” su paso esencial (a) se refiere a “*inmunizar un animal con un polipéptido (...)*”, por lo que dicho paso claramente se refiere a un proceso esencialmente biológico llevado a cabo por el sistema inmune adaptativo del animal. Por lo anterior se concluye que dicho método no puede ser objeto de patente de conformidad con lo dispuesto en el artículo 15 lit. b) de la referida Decisión 486.

5. De la solicitud de patente

Reivindicaciones (Art 30 D 486, Art 22 PCT)

1. La reivindicación 1 no es clara ya que hace referencia a una molécula de unión biespecífica que comprende dos dominios de unión, pero solo se suministran los 6CDRs del primer dominio de unión al epítipo BCMA, en tanto que no se suministra ninguna secuencia de aminoácidos para el segundo dominio de unión a CD3. Se recuerda al solicitante que un anticuerpo debe ser definido por las secuencias completas de sus regiones variables de cadena ligera y pesada o por las secuencias de los 6CDRs de cada dominio de unión, en el caso de la solicitud para un anticuerpo con dos dominios de unión se esperan 12CDRs o dos cadenas ligeras y dos cadenas pesadas, de manera que según lo divulgado en el capítulo descriptivo (Pág. 95-184, Ej. 22, Radicado N° 14-122453-00000-0000). El anticuerpo biespecífico reclamado en las reivindicaciones no incluye las secuencias que definen su segundo dominio de unión a CD3 (cadenas ligera y pesada o los 6CDRs de dicho dominio), por lo cual es imposible para el examinador distinguir entre el objeto reclamado de lo divulgado en el estado de la técnica. Se recomienda definir correctamente el anticuerpo.
2. Las reivindicaciones 2 a 4 no son claras debido a que incluyen las expresiones: “*donde el primer dominio de unión es capaz de unirse (...)*” o “*donde el segundo*

dominio de unión es capaz de unirse a (...)”, las cuales se consideran resultados a alcanzar que no definen la molécula de unión reclamada, puesto que la reivindicación incluiría no sólo la solución propuesta por el solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado. Se sugiere reemplazarlo por las características esenciales, estructurales o funcionales, que contribuyen a la obtención de ese efecto.

3. Las reivindicaciones 12 y 13 no son claras ya que hacen referencia a una molécula de ácido nucleico o a un vector que la comprende, pero dichas moléculas no se definen por su estructura la cual corresponde a su secuencia completa de nucleótidos, sino que pretenden ser descritas a través de las secuencias de aminoácidos de las proteínas que codifican. Se recuerda al solicitante que el código genético es degenerado y por ende no es correcto definir una secuencia de nucleótidos a partir del producto de expresión de la misma, esta definición impide al examinador distinguir entre el objeto reclamado y lo divulgado en el estado de la técnica, por lo que se sugiere caracterizar correctamente dichas moléculas.
4. La reivindicación 14 no es clara ya que hace referencia a una célula hospedadora que no está descrita en términos de una línea celular.
5. La reivindicación 16 no es clara ya que se refiere a una composición farmacéutica, pero esta no se define mediante sus componentes y las proporciones de los mismos. Se sugiere definir correctamente la composición.

6. Determinación del Estado de la Técnica

El estado de la técnica se determinó con base en la fecha de presentación de la solicitud de prioridad: noviembre 15 de 2011, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación*
D2	Ryan Maureen C ET AL: Mol Cancer Ther 2007;6(11).pags 3009-3018	"Antibody targeting of B-cell maturation antigen on malignant plasma cells"	01/Noviembre/2007
D3	US 20110123532	"Method for Making Heteromultimeric Molecules"	23/Mayo/2011
D4	WO 2009132058	"Levels of bcma protein expression on b cells and use in diagnostic methods"	29/Octubre/2009
D5	US 20090252683	"Composition Comprising Cross-Species-Specific Antibodies and uses Thereof"	08/Octubre/2009

El documento D2¹ divulga el desarrollo de anticuerpos con actividad bloqueadora de ligando que pueden promover la citotoxicidad de las líneas celulares de mieloma múltiple (MM) se divulgan anticuerpos desnudos así como anticuerpos conjugados a drogas (Pág. 3009, Resumen).

El documento D3² divulga y provee métodos para elaborar moléculas heteromultimericas tales como anticuerpos biespecificos y las composiciones que comprenden dichas moléculas. Los métodos incluyen introducir mutaciones en aminoácidos que están en contacto con la interface de los dos polipéptidos, tales que se altera las interacciones electrostáticamente pares iónicos. (Pág. 1, Resumen)

1 En línea: <http://mct.aacrjournals.org/content/6/11/3009.full.pdf+html>

2 En línea: <http://www.google.com.ar/patents/US20110123532>

El documento D4³ divulga un método para medir los niveles de la proteína BCMA en la maduración de las células B en una muestra biológica, específicamente sobre la superficie de las células B. dichos ensayos de diagnóstico son útiles en la predicción de la probabilidad de un individuo de desarrollar o sufrir una enfermedad autoinmune, tal como SLE y los métodos para tratar un individuo con diagnóstico clínico con una enfermedad autoinmune (Pág. 1, Resumen)

El documento D5⁴ divulga anticuerpos biespecíficos que exhiben especificidad cruzada entre varias especies que son útiles para la evaluación in vivo de la seguridad, actividad y/o perfil farmacocinético de dichos anticuerpos en especies no-humanas tanto como en humanos (Pág. 1, Resumen).

7. Examen de Patentabilidad (Art 14 D486)

Nivel inventivo (Art18 D486)

La reivindicación 1 consiste en: “Una molécula de unión la cual es al menos biespecífico que comprende (...)” (Radicado N° 14-122453-00010-0000).

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D5	D2
Una molécula de unión la cual es al menos biespecifica que comprende	Un anticuerpo biespecifico de cadena sencilla que comprende (Pág. 9, Párr. [0072]).	No se menciona
(a) un primer dominio de unión se une a BCMA y comprende una región VH que comprende CDR-H1. CDR-H2 y CDR-H3 y una región VL que comprende CDR-L1. CDR-L2 y CDR-L3 seleccionados a partir del grupo que consiste en: (1) CDR-H1 SEQ ID NO: 311. CDR-H2 SEQ ID NO: 312. CDR-H3 SEQ ID NO 313. CDR-L1 SEQ ID NO: 314 CDR-L2 SEQ ID NO 315 y CDR-L3 SEQ ID NO 316, (2) CDR-H1 SEQ ID NO: 331 CDR-H2 SEQ ID NO: 332. CDR-H3 SEQ ID NO: 333 CDR-L1 SEQ ID NO: 334. CDR-L2 SEQ ID NO. 335 y CDR-L3 SEQ ID NO: 336, (3) CDR-H1 SEQ ID NO: 321, CDR-H2 SEQ ID NO 322. CDR-H3 SEQ ID NO 323, CDR-L1 SEQ ID NO 324, CDR-L2 SEQ ID NO 325 y CDR-L3 SEQ ID NO: 326, (4) CDR-H1 SEQ ID NO 341 CDR-H2 SEQ ID NO: 342, CDR-H3 SEQ ID NO: 343 CDR-L1 SEQ ID NO: 344, CDR-L2 SEQ ID NO 345 and CDR-L3 SEQ ID NO: 346, (5) CDR-H1 SEQ ID NO: 351. CDR-H2 SEQ ID NO 352, CDR-H3 SEQ ID NO: 353 CDR-L1 SEQ ID NO: 354, CDR-L2 SEQ ID NO 355 y CDR-L3 SEQ ID NO: 356, (6) CDR-H1 SEQ ID NO. 371, CDR-H2 SEQ ID NO: 372. CDR-H3 SEQ ID NO 373, CDR-L1 SEQ ID NO: 374. CDR-L2 SEQ ID NO 375 y CDR-L3 SEQ ID NO: 376, (7) CDR-H1 SEQ ID NO: 361. CDR-H2 SEQ ID NO; 362, CDR-H3 SEQ ID NO 363, CDR-L1 SEQ ID NO: 364. CDR-L2 SEQ ID NO 365 and CDR-L3 SEQ ID NO 366. (8) CDR-H1 SEQ ID NO: 381, CDR-H2 SEQ ID NO: 382. CDR-H3 SEQ ID NO 383, CDR-L1 SEQ ID NO 384, CDR-L2 SEQ ID NO 385 y CDR-L3 SEQ ID NO 386.	No se menciona	Anticuerpo que se une específicamente a epítopes de BCMA (Pág. 14, Párr. [25]).
Y (b) un segundo dominio de unión es capaz de unirse al complejo CD3 receptor de células T y	(i) Un primer dominio de unión a CD3 de primate no chimpancé (Pág. 9, Párr. [0072]).	no se menciona

El documento D5 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 1 porque divulga una composición farmacéutica que comprende un anticuerpo

3 En línea: <http://www.google.com/patents/WO2009132058A3?cl=en>

4 En línea: <http://www.google.com/patents/US20090252683>

de cadena sencilla que comprende: (i) un primer dominio de unión a un antígeno CD3 de primate no-chimpancé y un segundo dominio de unión para un antígeno de superficie celular (Pág. 170, Rev. 1). Adicionalmente el documento D5 divulga una composición farmacéutica que comprende un ácido nucleico que codifica dicho anticuerpo biespecífico de cadena sencilla (Pág.171, Rev. 20).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 1 y el documento D5 consiste en que la molécula de unión de solicitud comprende un primer dominio de unión que comprende una región VH que comprende los CDR-H1, CDR-H2 y CDR-H3 y una región VL que comprende los CDR-L1, CDR-L2 y CDR-L3 seleccionados a partir del grupo que consiste en: (1) CDR-H1 SEQ ID NO: 311. CDR-H2 SEQ ID NO: 312. CDR-H3 SEQ ID NO 313. CDR-L1 SEQ ID NO: 314 CDR-L2 SEQ ID NO 315 y CDR-L3 SEQ ID NO 316, (2) CDR-H1 SEQ ID NO: 331 CDR-H2 SEQ ID NO: 332. CDR-H3 SEQ ID NO: 333 CDR-L1 SEQ ID NO: 334. CDR-L2 SEQ ID NO. 335 y CDR-L3 SEQ ID NO: 336, (3) CDR-H1 SEQ ID NO: 321, CDR-H2 SEQ ID NO 322. CDR-H3 SEQ ID NO 323, CDR-L1 SEQ ID NO 324, CDR-L2 SEQ ID NO 325 y CDR-L3 SEQ ID NO: 326, (4) CDR-H1 SEQ ID NO 341 CDR-H2 SEQ ID NO: 342, CDR-H3 SEQ ID NO: 343 CDR-L1 SEQ ID NO: 344, CDR-L2 SEQ ID NO 345 and CDR-L3 SEQ ID NO: 346, (5) CDR-H1 SEQ ID NO: 351. CDR-H2 SEQ ID NO 352, CDR-H3 SEQ ID NO: 353 CDR-L1 SEQ ID NO: 354, CDR-L2 SEQ ID NO 355 y CDR-L3 SEQ ID NO: 356, (6) CDR-H1 SEQ ID NO. 371, CDR-H2 SEQ ID NO: 372. CDR-H3 SEQ ID NO 373, CDR-L1 SEQ ID NO: 374. CDR-L2 SEQ ID NO 375 y CDR-L3 SEQ ID NO: 376, (7) CDR-H1 SEQ ID NO: 361. CDR-H2 SEQ ID NO; 362, CDR-H3 SEQ ID NO 363, CDR-L1 SEQ ID NO: 364. CDR-L2 SEQ ID NO 365 and CDR-L3 SEQ ID NO 366. (8) CDR-H1 SEQ ID NO: 381, CDR-H2 SEQ ID NO: 382. CDR-H3 SEQ ID NO 383, CDR-L1 SEQ ID NO 384, CDR-L2 SEQ ID NO 385 y CDR-L3 SEQ ID NO 386.

No se evidencia un efecto técnico asociado las secuencias de los CDRs incluidas en la reivindicación 1, ya que el anticuerpo biespecífico reclamado no se define por su estructura completa, la cual comprende dos dominios de unión a dos antígenos: CD3 y BCMA , y solo se suministran secuencias para los 6CDRs del primer dominio de unión correspondientes al antígeno BCMA.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “cómo modificar el anticuerpo biespecífico del documento D5 para obtener un anticuerpo alternativo con un dominio de unión a BCMA”.

Sin embargo, un anticuerpo que se une específicamente a epítopes de BCMA (Pág. 14, Párr. [25]) ya había sido divulgado en el documento D4 que enseña, como algunas de estas moléculas pueden unirse a BCMA y bloquear el efecto de su ligando APRIL sobre las células B y otros componentes del sistema inmune (Pág. 4, Párr. [5]).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría un dominio de unión que comprende CDRs específicos anti-BCMA como los divulgados en el documento D4, en un anticuerpo biespecífico que incluye un dominio de unión a CD3 como el del documento D5, para llegar así al objeto de la reivindicación 1 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 2 a 14 y 16 no mencionan características técnicas que hagan inventiva la molécula de unión de la reivindicación 1. Por lo cual se consideran obvias.

Conclusión:

La reivindicación 1 cumple el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumple con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

La reivindicación 15 consiste en: “Un procedimiento para la producción de una molécula de

unión de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 11, comprendiendo (...)” (Radicado N° 15-268313-00000-0000).

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D3	D4
Un procedimiento para la producción de una molécula de unión a BCMA y CD3 que comprende	Un método para la producción de un anticuerpo biespecífico que se une a dos antígenos diferentes con al menos un dominio de unión a CD3 que comprende (Pág.46, Rev. 144)	un procedimiento para la generación de anticuerpos anti-BCMA que comprende (Pág. 3011, <i>Antibody Generation</i>)
Cultivar una célula hospedadora condiciones de expresión de la molécula de unión	Cultivar una célula huésped bajo condiciones que resultan en la expresión del anticuerpo biespecífico (Pág. 46, Rev. 144)	Cultivar células B de vasos de ratones inmunizados fusionadas a células de mieloma (Pág. 3011, <i>Antibody Generation</i>)
Recuperar la molécula de unión producida a partir del cultivo	Y obtener el anticuerpo (Pág. 46, Rev. 144)	y purificar el anticuerpo a partir del cultivo empleando cromatografía con proteína G acoplada a sefarosa (Pág. 3011, <i>Antibody Purification</i>)

El documento D3 se considera el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 15 porque divulga, un método de preparar un polipéptido heteromultimerico que comprende dos dominios de inmunoglobulina que contienen CH3 humanos (Pág. 19, Párr. [0019]) específicamente divulga anticuerpos biespecíficos que se unen a dos antígenos diferentes (Pág. 20, Párr. [0021]), más específicamente un anticuerpo biespecífico donde el primer o segundo dominio de unión comprende un dominio de unión al antígeno CD3 (Pág. 20 Párr. [0022]), así como un método para la producción de dicho anticuerpo biespecífico que comprende: cultivar una célula huésped bajo condiciones que resultan en la expresión del anticuerpo biespecífico y obtener el anticuerpo (Pág. 46, Rev. 144).

La diferencia entre la invención definida en el documento D3 y el procedimiento de la solicitud es que este método genera un anticuerpo biespecífico que comprende un primer dominio de unión para el antígeno BCMA.

No se evidencia un efecto técnico asociado a un método para producir un anticuerpo biespecífico como el reclamado por el solicitante dado que dicho anticuerpo no se define por su estructura completa, la cual comprende dos dominios de unión a dos antígenos: CD3 y BCMA y solo se suministran secuencias para los 6CDRs del primer dominio de unión correspondientes al antígeno BCMA

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “cómo modificar el procedimiento para obtener un anticuerpo biespecífico del documento D1 para obtener un anticuerpo alternativo con un dominio de unión a BCMA”.

Sin embargo, un procedimiento para la generación de anticuerpos anti-BCMA que comprende cultivar células B de vasos de ratones inmunizados fusionadas a células de mieloma (Pág. 3011, *Antibody Generation*) y purificar el anticuerpo a partir del cultivo empleando cromatografía con proteína G acoplada a sefarosa (Pág 3011, *Antibody Purification*) ya había sido divulgado en el documento D2 que enseña, como dichos anticuerpos son inhibidores de BCMA bloquean la activación del factor nuclear $\kappa\beta$ dependiente del ligando APRIL de manera dependiente de la dosis (Pág. 3009, Resumen).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia incluiría los pasos de producción de un anticuerpo anti-BCMA divulgados en el documento D2 en un método para producir un anticuerpo biespecífico como el divulgado en el documento D3, para llegar

al objeto de la reivindicación 15 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Conclusión:

La reivindicación 15 cumple el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumple con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

8. Conclusión

Los requisitos de Patentabilidad de la presente solicitud están afectados así:

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D2	Ryan Maureen C ET AL: Mol Cancer Ther 2007;6(11).pags 3009-3018	15	Nivel inventivo
D3	US 20110123532	15	Nivel inventivo
D4	WO 2009132058	1 – 14 y 16	Nivel inventivo
D5	US 20090252683	1 – 14 y 16	Nivel inventivo

En cumplimiento del artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se le indica que debe dar respuesta dentro del término de sesenta (60) días contados a partir del día siguiente de la fecha de notificación de la presente comunicación. En caso de no dar respuesta al presente requerimiento, o si a pesar de la respuesta subsistieran los impedimentos para la concesión, se denegará la patente.

Si como respuesta a este requerimiento el solicitante llegara a modificar: i) el capítulo reivindicatorio, ii) la descripción de la invención a proteger, iii) o presente un nuevo capítulo reivindicatorio, no deberá pagar la tasa de modificación voluntaria pero sí la correspondiente a la tasa de examen de patentabilidad para que se estudie la materia modificada. En todo caso, el número de requerimientos por no patentabilidad estará supeditado a que el término del estudio de patentabilidad no sea superior a 18 meses, contados desde la publicación de la solicitud de patente de invención. Adicionalmente, se le recuerda al solicitante que si como respuesta a este requerimiento llegara a modificar el capítulo reivindicatorio y éste contenga más de diez (10) reivindicaciones deberá pagar la tasa por reivindicación adicional.

Se invita al solicitante se sirva indicar, si así lo considera, su renuncia al término faltante de sesenta (60) días para dar respuesta a este requerimiento y presentarla por escrito.

Notifíquese el presente oficio conforme a lo dispuesto en el numeral 5.2, literal e), del capítulo quinto del título primero de la Circular Única No. 10 de 2001.



JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ
Director de Nuevas Creaciones (c)

El anterior requerimiento fue notificado por fijación en lista, de fecha 2016-03-15

Elaboró: Paula Andrea Moreno Gonzalez

Revisó: Sandra Carolina Crespo

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL No de Radicación: 14-122453						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los boleanos utilizados)						
Palabras clave utilizadas		"anti CD3 biespecific antibodies" "anti-BCMA biespecific antibodies" "CD3 AND BCMA bispecific anditbod?"				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		C07K168, A61 K39/G95, A61P35/02, A61 P37/00				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
Google patents		Espacenet		WIPO		Sience Direct
PubMed		NCBI		The lens		Patbase
INFORMES DE EXÁMENES REALIZADOS EN OTRAS OFICINAS (documentos patentes, literatura no patente etc...)						
Oficina	Fecha del examen o de reporte de búsqueda de documentos	Anterioridades encontradas para el examen o reportados en el examen de búsqueda(relacionarlos todos)	Reiv. afectadas	RELEVANCIA (requisito que afecta)	FUERON TENIDOS EN CUENTA PARA EL EXAMEN EN LA OFICINA COLOMBIANA	
					SI	NO
EUROPEA	20/Mayo/2014	RYAN MAUREEN C ET AL: "Antibody targeting of B-cell maturation antigen on malignant plasma cells MOLECULAR CANCER THERAPEUTICS, AMERICAN ASSOCIATION OF CANCER RESEARCH, US, vol. 6, no. 11, 1 November 2007 (2007-11-01), pages 3009-3018, XP002581270JSSN: 1535-7163 WO 2009/132058 A2	25 y 26	Novedad	X	
		WO 02/066516 A2 WO 2004/106383 A1	25 y 26	Novedad		X
USPTO	06/Octubre/2015	US9150664	A	NA	NA	NA
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.						
Ursula Reusch et al, "Anti-CD3 X Anti-Epidermal Growth Factor Receptor (EGFR) Bispecific Antibody Redirects T-Cell Cytolytic Activity to EGFR-Positive Cancers In vitro and in an Animal Model" Clin Cancer Res 12(1) January 1, 2006						
US 20110123532						
US 20090252683						
BÚSQUEDA DE SECUENCIAS Número de depósito / patente y N° de secuencia % de identidad						
SEQ ID NO (de la solicitud)	NCBI	The Lens	EMBL-EBI	DDJB	Genome Quest	
317, 327, 347, 357, 367, 377, 387	NA: AAW67377.1	US 8575317/SEQ ID NO: 142				
	81%, 83%	82%, 84%				

SEQ_ID_NO_377 NQKFQGKVTMRDTSSTVYMESSLTSEDTAVYYCARDGYRDTDVLDYWGQGLVTVS
*:.*****.:*****

SEQ_ID_NO_317 S
SEQ_ID_NO_337 S
SEQ_ID_NO_327 S
SEQ_ID_NO_347 S
SEQ_ID_NO_367 S
SEQ_ID_NO_387 S
SEQ_ID_NO_357 S
SEQ_ID_NO_377 S

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

#

1: SEQ_ID_NO_317	100.00	100.00	95.87	95.87	89.26	89.26	93.39
93.39 2: SEQ_ID_NO_337	100.00	100.00	95.87	95.87	89.26	89.26	93.39
93.39 3: SEQ_ID_NO_327	95.87	95.87	100.00	100.00	93.39	93.39	89.26
89.26 4: SEQ_ID_NO_347	95.87	95.87	100.00	100.00	93.39	93.39	89.26
89.26 5: SEQ_ID_NO_367	89.26	89.26	93.39	93.39	100.00	96.69	95.87
92.56 6: SEQ_ID_NO_387	89.26	89.26	93.39	93.39	96.69	100.00	92.56
95.87 7: SEQ_ID_NO_357	93.39	93.39	89.26	89.26	95.87	92.56	100.00
96.69 8: SEQ_ID_NO_377	93.39	93.39	89.26	89.26	92.56	95.87	96.69
100.00							

Cadenas Ligeras

>SEQ_ID_NO_318
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
>SEQ_ID_NO_328
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
>SEQ_ID_NO_338
DIQMTQSPSSLSASVGDRTITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLEPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
>SEQ_ID_NO_348
DIQMTQSPSSLSASVGDRTITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLEPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
>SEQ_ID_NO_358
DIQMTQSPSSLSASVGDRTITTCQASQDISNYLNWYQQKPGRAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDYSFTISSLQPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
>SEQ_ID_NO_368
DIQMTQSPSSLSASVGDRTITTCQASQDISNYLNWYQQKPGRAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDYSFTISSLQPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
>SEQ_ID_NO_378
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_388

DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS
GTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)

SEQ_ID_NO_358
DIQMTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGRAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_368
DIQMTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGRAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_318
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_328
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_378
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_388
DIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_338
DIQMTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
SEQ_ID_NO_348
DIQMTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS

*****:*****.*****

SEQ_ID_NO_358 RFSGSGSGTDYSFTISSLQPEDATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_368 RFSGSGSGTDYSFTISSLQPEDATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_318 RFSGSGSGTDFFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_328 RFSGSGSGTDFFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_378 RFSGSGSGTDFFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_388 RFSGSGSGTDFFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_338 RFSGSGSGTDFFTISLEPEDATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
SEQ_ID_NO_348 RFSGSGSGTDFFTISLEPEDATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK
*****:*****:*****

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

#

1: SEQ_ID_NO_358	100.00	100.00	95.33	95.33	95.33	95.33	96.26
96.26							
2: SEQ_ID_NO_368	100.00	100.00	95.33	95.33	95.33	95.33	96.26
96.26							
3: SEQ_ID_NO_318	95.33	95.33	100.00	100.00	100.00	100.00	97.20
97.20							
4: SEQ_ID_NO_328	95.33	95.33	100.00	100.00	100.00	100.00	97.20
97.20							
5: SEQ_ID_NO_378	95.33	95.33	100.00	100.00	100.00	100.00	97.20
97.20							
6: SEQ_ID_NO_388	95.33	95.33	100.00	100.00	100.00	100.00	97.20
97.20							
7: SEQ_ID_NO_338	96.26	96.26	97.20	97.20	97.20	97.20	100.00
100.00							
8: SEQ_ID_NO_348	96.26	96.26	97.20	97.20	97.20	97.20	100.00
100.00							

Secuencias completas de aminoácidos

>SEQ_ID_NO_319

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNEKFQ
GRATMTSDTSTSTVYMESSLRSEDTAVYYCAR DGYRDTVDLYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG

GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
RFSGSGSGTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_329

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGDWGDYNEKFQ
GRATMTSDTSTSTVYMESSLRSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
RFSGSGSGTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_339

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNEKFQ
GRATMTSDTSTSTVYMESSLRSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
RFSGSGSGTDFTFTISSLEPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_340

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNEKFQ
GRATMTSDTSTSTVYMESSLRSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
RFSGSGSGTDFTFTISSLEPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQ
PGGSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKN
TAYLQMNNLKTEDAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQT
VTQEPSLTVSPGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSL
GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL

>SEQ_ID_NO_349

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGDWGDYNEKFQ
GRATMTSDTSTSTVYMESSLRSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPS
RFSGSGSGTDFTFTISSLEPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_359

QVQLVQSGAKVIKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNQKFQ
RVTMTRDKSTSTVYMESSLTSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
SGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQQKPGRAPKLLIYYTSRLHTGVPSR
FSGSGSGTDYSFTISSLQPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_369

QVQLVQSGAKVIKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDGDWGDYNQKFQ
GRVTMTRDKSTSTVYMESSLTSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
GSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQQKPGRAPKLLIYYTSRLHTGVPS
RFSGSGSGTDYSFTISSLQPEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_379

QVQLVQSGAEVIKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYPGYHAYNQKFQ
KVTMTRDTSTSTVYMESSLTSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG
GGGGSDIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRF
SGSGSGTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

>SEQ_ID_NO_389

QVQLVQSGAEVIKPGASVKVSCKASGYTFTNHIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYDGDWGDYNQKFQ
KVTMTRDTSTSTVYMESSLTSEDVAVYYCARDGYRRDADVDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGG

GGGSDIQMTQSPSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRF
SGSGSGTDFTFTISSLQQEDIATYYCQQGNTLPWTFGQGTKVEIK

CDRs

>SEQ_ID_NO_311

NHIIH

>SEQ_ID_NO_312

YINPYPGYHAYNEKFQG

>SEQ_ID_NO_313

DGYRDTDVLDY

>SEQ_ID_NO_314

QASQDISNYLN

>SEQ_ID_NO_315

YTSRLHT

>SEQ_ID_NO_316

QQGNTLPWT

>SEQ_ID_NO_321

NHIIH

>SEQ_ID_NO_322

YINPYDGWGDYNEKFQG

>SEQ_ID_NO_323

DGYRDADVLDY

>SEQ_ID_NO_324

QASQDISNYLN

>SEQ_ID_NO_325

YTSRLHT

>SEQ_ID_NO_326

QQGNTLPWT

>SEQ_ID_NO_331

NHIIH

>SEQ_ID_NO_332

YINPYPGYHAYNEKFQG

>SEQ_ID_NO_333

DGYRDTDVLDY

>SEQ_ID_NO_334

QASQDISNYLN

>SEQ_ID_NO_335

YTSRLHT

>SEQ_ID_NO_336

QQGNTLPWT

>SEQ_ID_NO_341

NHIIH

>SEQ_ID_NO_342

YINPYDGWGDYNEKFQG

>SEQ_ID_NO_343

DGYRDADVLDY

>SEQ_ID_NO_344

QASQDISNYLN
>SEQ_ID_NO_345
YTSRLHT
>SEQ_ID_NO_346
QQGNTLPWT
>SEQ_ID_NO_351
NHIIH
>SEQ_ID_NO_353
DGYRDTDVLDY
>SEQ_ID_NO_354
QASQDISNYLN
>SEQ_ID_NO_355
YTSRLHT
>SEQ_ID_NO_356
QQGNTLPWT
>SEQ_ID_NO_361
NHIIH
>SEQ_ID_NO_362
YINPYDGWGDYNQKFQG
>SEQ_ID_NO_363
DGYRDADVLDY
>SEQ_ID_NO_364
QASQDISNYLN
>SEQ_ID_NO_365
YTSRLHT
>SEQ_ID_NO_366
QQGNTLPWT
>SEQ_ID_NO_371
NHIIH
>SEQ_ID_NO_372
YINPYPGYHAYNQKFQG
>SEQ_ID_NO_373
DGYRDTDVLDY
>SEQ_ID_NO_374
QASQDISNYLN
>SEQ_ID_NO_375
YTSRLHT
>SEQ_ID_NO_376
QQGNTLPWT
>SEQ_ID_NO_381
NHIIH
>SEQ_ID_NO_382
YINPYDGWGDYNQKFQG
>SEQ_ID_NO_383
DGYRDADVLDY
>SEQ_ID_NO_384
QASQDISNYLN

>SEQ_ID_NO_385

YTSRLHT

>SEQ_ID_NO_386

QQGNTLPWT

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment						
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident Accession
☐	Sequence 142 from patent US 8575317	203	203	100%	2e-66	82% AHE21564.1
☐	Sequence 112 from patent US 8575317	202	202	100%	7e-66	81% AHE21534.1
☐	Sequence 50 from patent US 8575317	202	202	100%	8e-66	81% AHE21492.1
☐	Sequence 140 from patent US 8575317	202	202	100%	9e-66	81% AHE21562.1
☐	Sequence 138 from patent US 8575317	201	201	100%	1e-65	81% AHE21560.1
☐	Sequence 143 from patent US 8575317	200	200	100%	3e-65	81% AHE21565.1
☐	Sequence 141 from patent US 8575317	200	200	100%	3e-65	80% AHE21563.1
☐	Sequence 154 from patent US 7332582	200	200	100%	3e-65	79% ACC07990.1
☐	Sequence 139 from patent US 8575317	200	200	100%	5e-65	80% AHE21561.1
☐	Sequence 167 from patent US 8575317	199	199	100%	1e-64	80% AHE21589.1
☐	Sequence 9 from patent US 8192736	199	199	100%	1e-64	80% AFL38337.1
☐	Sequence 137 from patent US 8575317	199	199	100%	1e-64	79% AHE21559.1
☐	Sequence 1 from patent US 7763250	199	199	99%	2e-64	82% ADS17955.1
☐	Sequence 93 from patent US 8101719	199	199	100%	2e-64	83% AFA83265.1
☐	Sequence 12 from patent US 7883705	199	199	100%	2e-64	81% AED38394.1
☐	Sequence 63 from patent US 6538111	199	199	100%	3e-64	80% AAP61010.1
☐	Sequence 23 from patent US 8460660	197	197	100%	4e-64	83% AGP15546.1
☐	Sequence 211 from patent US 8119340	197	197	99%	5e-64	81% AFB86385.1
☐	Sequence 6 from patent US 8314213	197	197	100%	6e-64	80% AGA36689.1
☐	Sequence 23 from patent US 9029510	197	197	100%	6e-64	80% AME89410.1
☐	Sequence 53 from patent US 5773218	197	197	100%	7e-64	82% AAC89656.1
☐	Sequence 5 from patent US 8314213	197	197	100%	8e-64	80% AGA36688.1
☐	Sequence 102 from patent US 8071730	196	196	100%	8e-64	81% AEW36199.1
☐	Sequence 21 from patent US 8460660	196	196	100%	1e-63	81% AGP15544.1
☐	Sequence 210 from patent US 8119340	196	196	99%	1e-63	82% AFB86384.1
☐	Sequence 82 from patent US 8491901	196	196	100%	1e-63	81% AGU21836.1
☐	Sequence 329 from patent US 7592429	196	196	100%	2e-63	79% ACW82126.1
☐	Sequence 204 from patent US 8575317	196	196	100%	2e-63	79% AHE21626.1
☐	Sequence 9 from patent US 8491901	196	196	100%	2e-63	82% AGU21791.1

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment						
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident Accession
☐	rotavirus-specific intestinal-homing antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	200	200	100%	3e-63	81% AAW67377.1
☐	rotavirus-specific intestinal-homing antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	200	200	100%	5e-63	80% AAW67376.1
☐	immunoglobulin alpha heavy chain [Homo sapiens]	200	200	100%	5e-63	80% AEB00258.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	198	198	100%	3e-62	82% ABM67149.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	197	197	100%	7e-62	80% ABM67154.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	197	197	100%	7e-62	78% AAD53821.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	197	197	100%	8e-62	83% ABM67163.1
☐	circulating B cell antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	196	196	100%	9e-62	80% ABF83234.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	196	196	100%	1e-61	81% AAA17971.1
☐	IgM heavy chain VH1 region precursor [Homo sapiens]	196	196	97%	2e-61	79% AAC51723.1
☐	immunoglobulin heavy chain V region [Homo sapiens]	196	196	100%	2e-61	80% AMK70091.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	196	196	100%	2e-61	79% AAY23293.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	196	196	100%	2e-61	81% ABM67212.1
☐	rotavirus-specific intestinal-homing antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	195	195	100%	3e-61	81% AAW67386.1
☐	rotavirus-specific intestinal-homing antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	195	195	100%	3e-61	81% AAW67388.1
☐	immunoglobulin heavy chain V region [Homo sapiens]	195	195	100%	4e-61	79% AMK70187.1
☐	immunoglobulin heavy chain V region [Homo sapiens]	195	195	100%	5e-61	81% AMK70551.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	195	195	98%	5e-61	80% CAD87740.1
☐	immunoglobulin heavy chain V region [Homo sapiens]	194	194	100%	7e-61	81% AMK70123.1
☐	immunoglobulin variable region [Homo sapiens]	194	194	99%	9e-61	81% ADX65198.1
☐	circulating B cell antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	194	194	100%	1e-60	79% ABF83225.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	194	194	100%	1e-60	80% ABM67232.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	194	194	100%	1e-60	78% AAC18196.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	193	193	100%	2e-60	80% ABM67155.1
☐	circulating B cell antibody heavy chain variable region [Homo sapiens]	193	193	100%	2e-60	80% ABF83374.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	193	193	100%	2e-60	78% AAY23316.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	193	193	100%	2e-60	80% ABM67110.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	193	193	100%	3e-60	79% ACN69999.1
☐	immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens]	192	192	100%	3e-60	79% AAY23310.1

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments							Download	GenPept	Graphics	Distance tree of results	Multiple alignment	
Description							Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 156 from patent US 8575317						209	209	100%	3e-69	94%	AHE21578.1
☐	Sequence 35 from patent US 8716450						209	209	100%	3e-69	94%	AJL42743.1
☐	Sequence 67 from patent US 5795965						209	209	100%	3e-69	94%	AAC94345.1
☐	Sequence 71 from patent US 5795965						209	209	100%	7e-69	94%	AAC94347.1
☐	Sequence 115 from patent US 7479543						208	208	100%	9e-69	93%	ACN02258.1
☐	Sequence 2 from patent US 8398980						212	212	100%	1e-68	94%	AGO74258.1
☐	Sequence 11 from patent US 8911732						208	208	100%	1e-68	93%	AJN78887.1
☐	Sequence 52 from patent US 8475793						207	207	100%	4e-68	93%	AGU02717.1
☐	Sequence 8 from patent US 8071072						207	207	100%	4e-68	93%	AEW31463.1
☐	Sequence 119 from patent US 9035027						211	393	100%	4e-68	94%	AME95013.1
☐	Sequence 117 from patent US 9035027						211	393	100%	4e-68	94%	AME95011.1
☐	Sequence 54 from patent US 8475793						206	206	100%	4e-68	93%	AGU02719.1
☐	Sequence 187 from patent US 9035027						210	352	100%	6e-68	94%	AME95081.1
☐	Sequence 185 from patent US 9035027						210	352	100%	6e-68	94%	AME95079.1
☐	Sequence 183 from patent US 9035027						210	352	100%	7e-68	94%	AME95077.1
☐	Sequence 181 from patent US 9035027						210	352	100%	7e-68	94%	AME95075.1
☐	Sequence 47 from patent US 8716450						210	409	100%	8e-68	94%	AJL42755.1
☐	Sequence 45 from patent US 8716450						210	409	100%	8e-68	94%	AJL42753.1
☐	Sequence 99 from patent US 8716450						210	385	100%	8e-68	94%	AJL42807.1
☐	Sequence 97 from patent US 8716450						210	385	100%	8e-68	94%	AJL42805.1
☐	Sequence 175 from patent US 8822645						210	336	100%	8e-68	94%	AJM98090.1
☐	Sequence 173 from patent US 8822645						210	336	100%	8e-68	94%	AJM98088.1
☐	Sequence 179 from patent US 9035027						209	408	100%	9e-68	94%	AME95073.1
☐	Sequence 177 from patent US 9035027						209	408	100%	9e-68	94%	AME95071.1
☐	Sequence 20 from patent US 8138313						206	206	100%	1e-67	92%	AFG81055.1
☐	Sequence 17 from patent US 5821337						204	204	100%	4e-67	92%	AAE23186.1
☐	unnamed protein product [synthetic construct]						204	204	100%	5e-67	91%	CAX46358.1
☐	Sequence 26 from patent US 9085622						204	204	100%	7e-67	93%	AMF68738.1

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments							Download	GenPept	Graphics	Distance tree of results	Multiple alignment	
Description							Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	anti-IL6 receptor antibody [synthetic construct]						209	209	100%	2e-67	94%	BAJ21230.1
☐	immunoglobulin VL region=humanized bispecific antibody [human, Peptide Recombinant, 107 aa]						204	204	100%	4e-65	92%	AAB24132.1
☐	Chain L, X-ray Structures Of Fragments From Binding And Nonbinding Versions Of A Humanized Anti-cd18 Antibody: Structural Indications Of Th						202	202	100%	5e-63	91%	2FGW L
☐	Chain L, Nerve Growth Factor In Complex With Fab From Humanized Version Of Mouse Mab 911 (tanezumab)						201	201	100%	2e-62	90%	4EDW L
☐	anti-CD22 single chain variable region [synthetic construct]						201	201	100%	3e-62	91%	A1S76185.1
☐	Chain L, Vascular Endothelial Growth Factor In Complex With A Neutralizing Antibody						200	200	100%	3e-62	89%	1BJ1 L
☐	anti-rabies virus immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]						196	196	100%	4e-62	90%	AAY33393.1
☐	immunoglobulin G heavy chain variable region [Homo sapiens]						196	196	100%	6e-62	91%	A1T38746.1
☐	Chain A, Structure Of The Germline Vk1 O18O8 LIGHT CHAIN VARIABLE Domain Homodimer						196	196	100%	8e-62	90%	2Q2Q A
☐	immunoglobulin kappa light chain variable domain ki O18/O8 [synthetic construct]						195	195	100%	1e-61	90%	ABR37293.1
☐	Chain L, X-ray Structures Of Fragments From Binding And Nonbinding Versions Of A Humanized Anti-cd18 Antibody: Structural Indications Of Th						195	195	100%	1e-61	89%	1FGV L
☐	Chain L, Vascular Endothelial Growth Factor In Complex With An Affinity Matured Antibody						199	199	100%	1e-61	88%	1CZ8 L
☐	Chain A, Solution Structure Of The Ki O18O8 Y87H IMMUNOGLOBULIN LIGH Variable Domain						194	194	100%	3e-61	89%	2KOM A
☐	Chain A, Ki O18O8 Y87H IMMUNOGLOBULIN LIGHT CHAIN VARIABLE DOMAIN						194	194	100%	3e-61	89%	3CDF A
☐	immunoglobulin kappa light chain variable region [Homo sapiens]						194	194	100%	5e-61	90%	CAG27369.1
☐	anti-rabies virus immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]						193	193	100%	6e-61	89%	AAY33403.1
☐	anti-rabies virus immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]						193	193	100%	6e-61	88%	AAY33370.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]						193	193	100%	9e-61	90%	AAK94808.1
☐	Chain C, Idiopathic Antibody D1.3 Fv Fragment-Antidiopathic Antibody E5.2 Fv Fragment Complex						192	192	100%	1e-60	85%	1DVF C
☐	anti-human-CD3-anti-human-HMWG bi-scFv antibody fragment precursor [synthetic construct]						205	390	100%	1e-60	92%	CAH69219.1
☐	Anti-ava1 [synthetic construct]						198	198	100%	1e-60	89%	ALB08477.1
☐	immunoglobulin kappa light chain variable region [Homo sapiens]						191	191	100%	3e-60	89%	ACY78416.1
☐	anti-IL6 receptor antibody [synthetic construct]						191	191	100%	4e-60	86%	BAJ21232.1
☐	immunoglobulin kappa light chain variable region [Homo sapiens]						191	191	100%	6e-60	89%	AAZ09046.1
☐	immunoglobulin kappa light chain variable region VK1 [Homo sapiens]						191	191	100%	7e-60	87%	AAV40720.1
☐	Chain L, Crystal Structure Of Human IL-1beta In Complex With Therapeutic Antibody Binding Fragment Of Gevokizumab						194	194	100%	7e-60	86%	4G6M L
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]						191	191	100%	7e-60	89%	AAK94823.1
☐	Chain L, Crystal Structure Of The Therapeutic Antibody Binding Fragment Of Gevokizumab In Its Unbound State						194	194	100%	8e-60	86%	4G6K L
☐	immunoglobulin light chain variable region [Mus musculus]						190	190	100%	8e-60	84%	ABC55327.1

anti CD3 bispecific antibodies

WebImágenesNoticiasVideosMás ▾Herramientas de búsqueda

Cerca de 67,700 resultados (0.47 segundos)

Se muestran resultados de anti CD3 *bispecific* antibodies
Buscar, en cambio, anti CD3 bispecific antibodies

Artículos académicos para anti CD3 bispecific antibodies
... coated with anti-glioma× anti-CD3 bispecific antibody ... - Nitta - Mencionado por 43
... by a trifunctional anti-EpCAM× anti-CD3 antibody: a ... - Burges - Mencionado por 166
... of an anti-PSA x anti-CD3 bispecific antibody for the ... - Katzenwadel - Mencionado por 28

Anti-CD3-based bispecific antibody designed for therapy of ...
www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/9650561 ▾ Traducir esta página
por BK Link - 1998 - Mencionado por 24 - Artículos relacionados
Anti-CD3-based bispecific antibody designed for therapy of human B-cell malignancy can induce T-cell activation by antigen-dependent and ...

T cells armed with anti-CD3 x anti-CD20 bispecific antibody ...
www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15781336 ▾ Traducir esta página
por JM Gall - 2005 - Mencionado por 37 - Artículos relacionados
T cells armed with anti-CD3 x anti-CD20 bispecific antibody enhance killing of CD20+ malignant B cells and bypass complement-mediated rituximab resistance ...

Bispecific T-Cell Engaging Antibodies for Cancer Therapy
cancerres.aacrjournals.org/content/69/.../4941.full.ht... ▾ Traducir esta página
por PA Baeuerle - 2009 - Mencionado por 199 - Artículos relacionados
15 jun. 2009 - Here, we review the principle of a new class of bispecific antibodies ...
The anti-CD3 specific single-chain antibody (green) is shared by all BiTE ...

anti BCMA bispecific antibodies

WebImágenesNoticiasVideosMás ▾Herramientas de búsqueda

Cerca de 35,200 resultados (0.75 segundos)

Se muestran resultados de anti BCMA *bispecific* antibodies
Buscar, en cambio, anti BCMA bispecific antibodies

Artículos académicos para anti BCMA bispecific antibodies
... engineering and design of therapeutic antibodies - Presta - Mencionado por 168
... cell, and, via the Fc portion of the bispecific antibody - Lindhofer - Mencionado por 57
Antibody-based therapies in multiple myeloma - Tai - Mencionado por 27

An anti-B cell maturation antigen bispecific antibody for ...
www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25826669 - Traducir esta página
por NS Ramadoss - 2015 - Artículos relacionados
15 abr. 2015 - We report a bispecific antibody against B cell maturation antigen (BiFab-BCMA), which potently and specifically redirects T cells to lyse ...

Patent EP2762497A1 - Bispecific antibodies ... - Google
www.google.com/patents/EP2762497A1?cl=en ▾ Traducir esta página
6 ago. 2014 - A bispecific antibody specifically binding to the two targets human ...
The use of anti-BCMA antibodies for the treatment of lymphomas and ...

BCMA-BASED STRATIFICATION AND THERAPY FOR ...
www.fqs.org/patents/app/20130101599 ▾ Traducir esta página
25 abr. 2013 - The method of claim 10, wherein said anti-BCMA antibody is a monoclonal antibody, a chimeric antibody a humanized antibody, or a bispecific ...

Patent EP2762497A1 - Bispecific antibodies ... - Google
www.google.com.ar/patents/EP2762497A1?cl=pt... ▾ Traducir esta página



Menu ▾ Search ▾ History ▾ Session ▾ Folder ▾ Order Help ▾ Logoff

#	Search query	Results	Options
1	TAC=(CD3~ AND BCMA~ BISPECIFIC~ ANTIBOD?~)	3	View Browse Hits Optimise more...