

REIVINDICACIONES MODIFICADAS-JULIO DE 2018**Solicitud de patente No. NC2017/0002166**

1. Una proteína de fusión caracterizada porque comprende:

(a) un primer polipéptido que comprende interleucina-2 (IL-2); y

(b) un segundo polipéptido, fusionado dentro del marco de lectura al primer polipéptido mediante un enlazador, donde el enlazador es la secuencia establecida en la SEC ID NO: 13, y en donde, el segundo polipéptido comprende un dominio extracelular de receptor de interleucina 2 alfa (IL-2R α), que es capaz de unirse a IL-2,

en donde la proteína de fusión tiene actividad IL-2.

2. La proteína de fusión de conformidad con la reivindicación 1, caracterizada porque la proteína de fusión tiene una potencia incrementada de IL-2 en comparación con IL-2 nativa.

3. La proteína de fusión de conformidad con la reivindicación 1 ó 2, caracterizada porque la proteína de fusión tiene una estimulación de IL-2 persistente incrementada de IL-2R que porta linfocitos *in vivo*, en comparación con IL-2 nativa.

4. La proteína de fusión de conformidad con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 3, en donde el primer polipéptido comprende IL-2 con 85% o mayor de identidad de secuencia con la SEQ ID NO:2.

5. La proteína de fusión de conformidad con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 4, en donde el segundo polipéptido comprende el dominio extracelular de IL-2R α con 85% de identidad de secuencia o mayor con la SEQ ID NO:7.

6. La proteína de fusión de conformidad con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 5, caracterizada porque el primer polipéptido que comprende IL-2 tiene 90%, 95%, o 99% o mayor de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 2.

7. La proteína de fusión de conformidad con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 6, caracterizada porque el segundo polipéptido comprende el dominio extracelular de IL-2R α tiene 90%, 95%, o 99% de identidad de secuencia o mayor con la SEQ ID NO:7.

8. La proteína de fusión de la reivindicación 1, caracterizada porque comprende:

(a) la secuencia de aminoácidos de cualquiera de las SEQ ID NOS: 26, 27, 36, 37, 57, o 59, o,

(b) una secuencia que tiene 85%, 90%, o 95% de identidad de secuencia o mayor con cualquiera de las SEQ ID NOS: 26, 27, 36, 37, 57, o 59.

9. La proteína de fusión de la reivindicación 8, caracterizada porque comprende la secuencia de aminoácidos de cualquiera de las SEQ ID NO: 26, 27, 36, 37, 57, o 59.

10. La proteína de fusión de la reivindicación 9, caracterizada porque comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 26.

11. La proteína de fusión de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10, caracterizada porque la proteína de fusión comprende uno o más sustituciones, supresiones, truncamientos, o inserciones en el dominio extracelular de IL-2R α .

12. La proteína de fusión de la reivindicación 11, caracterizada porque la proteína de fusión comprende:

(a) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 62; o

(b) una secuencia que tiene 85%, 90%, o 95% o mayor de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 62.

13. La proteína de fusión de la reivindicación 12, caracterizada porque comprende la secuencia de aminoácidos de

la SEQ ID NO:62.

14. Un polinucleótido caracterizado porque comprende una secuencia de nucleótidos que codifica la proteína de fusión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-13.

15. Una célula hospedera caracterizada porque comprende el polinucleótido de conformidad con la reivindicación 14, caracterizada porque la célula hospedera es una célula CHO o una célula COS.

16. Un método para producir la proteína de fusión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-13, caracterizado porque dicho método comprende i) introducir en una célula hospedera un polinucleótido que codifica la proteína de fusión de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 13 y ii) expresar la proteína de fusión en la célula hospedera.

17. El método de conformidad con la reivindicación 16, caracterizado porque el polinucleótido que codifica la proteína de fusión está unido operativamente a un promotor activo en la célula hospedera.