

LISTADO DE SECUENCIAS

A. DATOS DE LA SOLICITUD

(i) Solicitante: bluebird bio, Inc.

Quigley, Travis

Ross, Robert

(ii) Título de la invención: COMPOSICIONES DE CÉLULAS T CON CAR ANTI-BCMA

(iii) Referencia del Solicitante: BLBD-079/02WO

B. DATOS DE LA SOLICITUD ANTERIOR:

(i) Número de Prioridad: US 62/514,401

(ii) Fecha de Prioridad: 2017-06-02

(i) Número de Prioridad: US 62/417,840

(ii) Fecha de Prioridad: 2016-11-04

C. NÚMERO DE SECUENCIAS: 36

D. FORMATO LEGIBLE EN COMPUTADORA: PatentIn versión 3.5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 1

I.-CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 1

Arg Ala Ser Glu Ser Val Thr Ile Leu Gly Ser His Leu Ile His

1 5 10 15

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 2

(A) LONGITUD: 7

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 2

Leu Ala Ser Asn Val Gln Thr

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 3

(A) LONGITUD: 9

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 3

Leu Gln Ser Arg Thr Ile Pro Arg Thr

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 4

(A) LONGITUD: 5

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 4

Asp Tyr Ser Ile Asn

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 5

(A) LONGITUD: 17

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 5

Trp Ile Asn Thr Glu Thr Arg Glu Pro Ala Tyr Ala Tyr Asp Phe Arg

1 5 10 15

Gly

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 6

(A) LONGITUD: 8

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 6

Asp Tyr Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 7

(A) LONGITUD: 111

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 7

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Ala Met Ser Leu Gly

1 5 10 15

Lys Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Thr Ile Leu

20 25 30

Gly Ser His Leu Ile His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Thr Leu Leu Ile Gln Leu Ala Ser Asn Val Gln Thr Gly Val Pro Ala

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp

65 70 75 80

Pro Val Glu Glu Asp Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Ser Arg

85 90 95

Thr Ile Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 8

(A) LONGITUD: 117

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Mus musculus

SECUENCIA SEQ ID No: 8

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Ser Ile Asn Trp Val Lys Arg Ala Pro Gly Lys Gly Leu Lys Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Glu Thr Arg Glu Pro Ala Tyr Ala Tyr Asp Phe

50 55 60

Arg Gly Arg Phe Ala Phe Ser Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Tyr Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Leu Asp Tyr Ser Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 9

(A) LONGITUD: 493

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: CAR anti-BCMA02

SECUENCIA SEQ ID No: 9

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu

1 5 10 15

His Ala Ala Arg Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu

20 25 30

Ala Met Ser Leu Gly Lys Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu

35 40 45

Ser Val Thr Ile Leu Gly Ser His Leu Ile His Trp Tyr Gln Gln Lys

50 55 60

Pro Gly Gln Pro Pro Thr Leu Leu Ile Gln Leu Ala Ser Asn Val Gln

65 70 75 80

Thr Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe

85 90 95

Thr Leu Thr Ile Asp Pro Val Glu Glu Asp Asp Val Ala Val Tyr Tyr

100 105 110

Cys Leu Gln Ser Arg Thr Ile Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

115 120 125

Leu Glu Ile Lys Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

130 135 140

Glu Gly Ser Thr Lys Gly Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu

145 150 155 160

Leu Lys Lys Pro Gly Glu Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly

165 170 175

Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Ser Ile Asn Trp Val Lys Arg Ala Pro Gly

180 185 190

Lys Gly Leu Lys Trp Met Gly Trp Ile Asn Thr Glu Thr Arg Glu Pro

195 200 205

Ala Tyr Ala Tyr Asp Phe Arg Gly Arg Phe Ala Phe Ser Leu Glu Thr

210 215 220

Ser Ala Ser Thr Ala Tyr Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Tyr Glu Asp

225 230 235 240

Thr Ala Thr Tyr Phe Cys Ala Leu Asp Tyr Ser Tyr Ala Met Asp Tyr

245 250 255

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Ala Thr Thr

260 265 270

Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln

275 280 285

Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala

290 295 300

Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala

305 310 315 320

Pro Leu Ala Gly Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr

325 330 335

Leu Tyr Cys Lys Arg Gly Arg Lys Lys Leu Leu Tyr Ile Phe Lys Gln

340 345 350

Pro Phe Met Arg Pro Val Gln Thr Thr Gln Glu Glu Asp Gly Cys Ser

355 360 365

Cys Arg Phe Pro Glu Glu Glu Glu Gly Gly Cys Glu Leu Arg Val Lys

370 375 380

Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Gln Gln Gly Gln Asn Gln

385 390 395 400

Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr Asp Val Leu

405 410 415

Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys Pro Arg Arg

420

425

430

Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met

435

440

445

Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg Arg Arg Gly

450

455

460

Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp

465

470

475

480

Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg

485

490

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 10

(A) LONGITUD: 1485

II.- TIPO DE MOLÉCULA: AND

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: CAR anti-BCMA02

SECUENCIA SEQ ID No: 10

atggcactcc ccgtcaccgc ctttctcttg ccctcgccc tgctgctgca tgctgccagg 60

cccgcattg tgctactca gtcacctccc agcctggcca tgagcctggg aaaaagggcc 120

accatctcct gtagagccag tgagtccgtc acaatcttgg ggagccatct tattcactgg 180

tatcagcaga agcccgggca gcctccaacc ctcttattc agtcgcgtc aaacgtccag 240

acgggtgtac ctgccagatt ttctggtagc gggctcccga ctgattttac actgaccata 300

gatccagtgg aagaagacga tgtggccgtg tattattgtc tgacagagcag aacgattcct 360

cgcacatttg gtgggggtac taagctggag attaaggga gcacgtccgg ctacaggaag 420

ccgggctccg gcgaggaag cacgaaggga caaattcagc tggccagag cggacctgag 480

ctgaaaaaac ccggcgagac tgtaagatc agttgtaaag catctggcta taccttcacc 540

gactacagca taaattgggt gaaacgggcc cctggaaagg gcctcaaatg gatgggttgg 600

atcaataccg aaactagga gcctgcttat gcatatgact tccgcgggag attcgccttt 660

tcactcgaga catctgcctc tactgcttac ctcaaataa acaacctcaa gtatgaagat 720

acagccactt acttttgcgc cctcgactat agttacgcca tggactactg gggacaggga 780

acctccgtta ccgtcagttc cgcggccgca accacaacac ctgctccaag gccccccaca 840

cccgtccaa ctatagccag ccaaccattg agcctcagac ctgaagcttg caggcccga 900

gcaggaggcg ccgtccatac gcgaggcctg gacttcgctg gtgatattta tatttgggcc 960

ccttggccg gaacatgtgg ggtgttgctt ctctcccttg tgatcactct gtattgtaag 1020

cgcgggagaa agaagctcct gtacatcttc aagcagcctt ttatgcgacc tgtgcaaacc 1080
 actcaggaag aagatgggtg ttcatgccgc tccccgagg aggaagaagg aggggtgtgaa 1140
 ctgagggtga aattttctag aagcgccgat gctcccgcat atcagcaggg tcagaatcag 1200
 ctctacaatg aattgaatct cggcaggcga gaagagtacg atgttctgga caagagacgg 1260
 ggcagggatc ccgagatggg gggaaagccc cgagaaaaa atcctcagga ggggtgttac 1320
 aatgagctgc agaaggacaa gatggctgaa gcctatagcg agatcggaat gaaaggcgaa 1380
 agacgcagag gcaaggggca tgacggtctg taccagggtc tctctacagc caccaaggac 1440
 acttatgatg cgttgcatat gcaagccttg ccaccccgct aatga 1485

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 11

(A) LONGITUD: 184

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Homo sapiens

SECUENCIA SEQ ID No: 11

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala Ile Leu Trp Thr Cys Leu Gly Leu Ser Leu

50 55 60

Ile Ile Ser Leu Ala Val Phe Val Leu Met Phe Leu Leu Arg Lys Ile

65 70 75 80

Asn Ser Glu Pro Leu Lys Asp Glu Phe Lys Asn Thr Gly Ser Gly Leu

85 90 95

Leu Gly Met Ala Asn Ile Asp Leu Glu Lys Ser Arg Thr Gly Asp Glu

100 105 110

Ile Ile Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys

115 120 125

Glu Asp Cys Ile Lys Ser Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe

130 135 140

Pro Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys

145 150 155 160

Thr Asn Asp Tyr Cys Lys Ser Leu Pro Ala Ala Leu Ser Ala Thr Glu

165 170 175

Ile Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg

180

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 12

(A) LONGITUD: 5

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 12

Asp Gly Gly Gly Ser

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 13

(A) LONGITUD: 5

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 13

Thr Gly Glu Lys Pro

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 14

(A) LONGITUD: 4

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 14

Gly Gly Arg Arg

1

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 15

(A) LONGITUD: 5

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 15

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 16

(A) LONGITUD: 14

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 16

Glu Gly Lys Ser Ser Gly Ser Gly Ser Glu Ser Lys Val Asp

1 5 10

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 17

(A) LONGITUD: 18

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 17

Lys Glu Ser Gly Ser Val Ser Ser Glu Gln Leu Ala Gln Phe Arg Ser

1 5 10 15

Leu Asp

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 18

(A) LONGITUD: 8

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 18

Gly Gly Arg Arg Gly Gly Gly Ser

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 19

(A) LONGITUD: 9

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 19

Leu Arg Gln Arg Asp Gly Glu Arg Pro

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 20

(A) LONGITUD: 12

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 20

Leu Arg Gln Lys Asp Gly Gly Gly Ser Glu Arg Pro

1 5 10

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 21

(A) LONGITUD: 16

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 21

Leu Arg Gln Lys Asp Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Arg Pro

1 5 10 15

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 22

(A) LONGITUD: 18

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: Enlazador peptídico flexible

SECUENCIA SEQ ID No: 22

Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr

1 5 10 15

Lys Gly

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 23

(A) LONGITUD: 7

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

Característica:

Nombre clave: RASGOS_VARIADOS

Localización: (2)..(3)

Otra información: Xaa = Cualquier aminoácido

Característica:

Nombre clave: RASGOS_VARIADOS

Localización: (5)..(5)

Otra información: Xaa = Cualquier aminoácido

Característica:

Nombre clave: RASGOS_VARIADOS

Localización: (7)..(7)

Otra información: Xaa es Gly o Ser

SECUENCIA SEQ ID No: 23

Glu Xaa Xaa Tyr Xaa Gln Xaa

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 24

(A) LONGITUD: 7

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 24

Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 25

(A) LONGITUD: 7

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 25

Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Ser

1 5

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 26

(A) LONGITUD: 19

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 26

Leu Leu Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser Asn

1 5 10 15

Pro Gly Pro

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 27

(A) LONGITUD: 19

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 27

Thr Leu Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser Asn

1 5 10 15

Pro Gly Pro

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 28

(A) LONGITUD: 14

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 28

Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser Asn Pro Gly Pro

1 5 10

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 29

(A) LONGITUD: 17

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 29

Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser Asn Pro Gly

1 5 10 15

Pro

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 30

(A) LONGITUD: 20

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 30

Gln Leu Leu Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser

1 5 10 15

Asn Pro Gly Pro

20

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 31

(A) LONGITUD: 24

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 31

Ala Pro Val Lys Gln Thr Leu Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly

1 5 10 15

Asp Val Glu Ser Asn Pro Gly Pro

20

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 32

(A) LONGITUD: 40

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 32

Val Thr Glu Leu Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro

1 5 10 15

Arg Pro Leu Leu Ala Ile His Pro Thr Glu Ala Arg His Lys Gln Lys

20 25 30

Ile Val Ala Pro Val Lys Gln Thr

35 40

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 33

(A) LONGITUD: 18

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 33

Leu Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser Asn Pro

1 5 10 15

Gly Pro

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 34

(A) LONGITUD: 40

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 34

Leu Leu Ala Ile His Pro Thr Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val

1 5 10 15

Ala Pro Val Lys Gln Thr Leu Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly

20 25 30

Asp Val Glu Ser Asn Pro Gly Pro

35 40

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 35

(A) LONGITUD: 33

II.- TIPO DE MOLÉCULA: PRT

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: sitio de escisión de proteasa

SECUENCIA SEQ ID No: 35

Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro Val Lys Gln Thr Leu

1 5 10 15

Asn Phe Asp Leu Leu Lys Leu Ala Gly Asp Val Glu Ser Asn Pro Gly

20 25 30

Pro

INFORMACIÓN PARA LA SEQ ID No: 36

(A) LONGITUD: 7350

II.- TIPO DE MOLÉCULA: ADN

(A) ORGANISMO: Secuencia artificial

Característica:

Otra información: vector CAR anti-BCMA02

SECUENCIA SEQ ID No: 36

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacggtca 60

cagcttgctc gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cctaactatg cggcacaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatcatat gccagcctat ggtgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat 240

tacgggggtca ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa 300

tggcccgctt ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt 360

tcccatagta acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta 420

aactgcccac ttggcagtac atcaagtga tcatatgcca agtacgcccc ctattgacgt 480

caatgacggg aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc 540

tacttgagcag tacatctacg tattagtcac cgctattacc atggtgatgc gggtttggca 600

gtacatcaat gggcgtggat agcggttga ctacgggga tttcaagtc tccaccccat 660

tgacgtcaat gggagtttgt ttggcacca aaatcaacgg gactttcaa aatgtcgtaa 720

caactccgcc ccattgacgc aaatgggcgg taggcgtgta cgggtggagg tctatataag 780

cagagctcgt ttagtgaacc gggctctctt ggtagacca gatctgagcc tgggagctct 840

ctggctaact agggaaacca ctgcttaagc ctcaataaag ctgccttga gtgctcaaag 900

tagtgtgtgc ccgtctgttg tgtgactctg gtaactagag atccctcaga cccttttagt 960

cagtgtggaa aatctctagc agtggcgccc gaacaggac ttgaaagcga aagtaaagcc 1020

agaggagatc tctcgacgca ggactcggct tgctgaagcg cgcacggcaa gaggcgaggg 1080

gcggcgactg gtgagtacgc caaaaatatt gactagcgga ggctagaagg agagagtagg 1140

gtgcgagagc gtcggtatta agcgggggag aattagataa atgggaaaaa attcggttaa 1200

ggccaggggg aaagaaacaa tataaactaa aacatatagt tagggcaagc agggagctag 1260

aacgattcgc agttaatcct ggccttttag agacatcaga aggctgtaga caaatactgg 1320

gacagctaca accatccctt cagacaggat cagaagaact tagatcatta tataatacaa 1380

tagcagtcct ctattgtgtg catcaaagga tagatgtaaa agacaccaag gaagccttag 1440

ataagataga ggaagagcaa aacaaaagta agaaaaaggc acagcaagca gcagctgaca 1500

caggaaacaa cagccaggtc agccaaaatt accctatagt gcagaacctc caggggcaaa 1560

tggtacatca ggccatatca cctagaactt taaattaaga cagcagtaca aatggcagta 1620

ttcatccaca attttaaaag aaaagggggg attggggggg acagtgcagg ggaaagaata 1680

gtagacataa tagcaacaga catacaaact aaagaattac aaaaacaaat tacaaaaatt 1740

caaaattttc gggtttatta caggacagc agagatccag tttggaaagg accagcaaag 1800

ctcctctgga aaggtgaagg ggcagtagta atacaagata atagtacat aaaagtagtg 1860

ccaagaagaa aagcaaagat catcagggat tatggaaaac agatggcagg tgatgattgt 1920

gtggcaagta gacaggatga ggattaacac atggaaaaga ttagtaaaac accatagctc 1980

tagagcgatc ccgatcttca gacctggagg aggagatatg agggacaatt ggagaagtga 2040

attatataaa tataaagtag taaaaattga accattagga gtagcaccca ccaaggcaaa 2100

gagaagagtg gtgcagagag aaaaaagagc agtgggaata ggagctttgt tccttggtt 2160

cttgggagca gcaggaagca ctatgggcgc agcgtcaatg acgctgacgg tacaggccag 2220

acaattattg tctggtatag tgcagcagca gaacaatttg ctgagggcta ttgaggcgca 2280

acagcatctg ttgcaactca cagtctgggg catcaagcag ctccaggcaa gaatcctggc 2340

tgtggaaaga tacctaaagg atcaacagct cctggggatt tggggttgct ctggaaaact 2400

catttgacc actgctgtgc ctggaatgc tagttggagt aataaatctc tggaacagat 2460

ttggaatcac acgacctgga tggagtggga cagagaaatt aacaattaca caagcttggt 2520

aggtttaaga atagttttg ctgtacttgc tatagtgaat agagttaggc agggatattc 2580

accattatcg tttcagacc acctcccaac cccgagggga cccgacaggc ccgaaggaat 2640

agaagaagaa ggtggagaga gagacagaga cagatccatt cgattagtga acggatccat 2700

ctcgacggaa tgaaagacc cacctgtagg tttggcaagc taggatcaag gttaggaaca 2760

gagagacagc agaatatggg ccaaacagga tatctgtggt aagcagttcc tgccccggct 2820

cagggccaaag aacagttgga acagcagaat atgggccaaa caggatatct gtgtaagca 2880

gttcctgcc cggtcaggg ccaagaacag atggtcccca gatgcggtcc cgccctcagc 2940

agtttctaga gaaccatcag atgtttccag ggtgccccaa ggacctgaaa tgaccctgtg 3000

ccttatttga actaaccaat cagttcgctt ctcgcttctg ttcgcgcgct tctgctcccc 3060

gagctcaata aaagagccca caaccctca ctcggcgga ttcacctgac gcgtctacgc 3120

cacatggca cttccgtca ccgcccctct cttgcccctc gccctgctgc tgcattgctgc 3180

caggcccgac attgtgctca ctcatcacc tcccagcctg gccatgagcc tgggaaaaag 3240

ggccaccatc tcctgtagag ccagtgaagc cgtcacaatc ttggggagcc atcttattca 3300

ctggtatcag cagaagcccg ggcagcctcc aacccttctt attcagctcg cgtcaaactg 3360

ccagacgggt gtacctgcca gattttctgg tagcgggtcc cgcactgatt ttactgac 3420

catagatcca gtggaagaag acgatgtggc cgtgtattat tgtctgcaga gcagaacgat 3480

tcctcgaca ttgggtgggg gtactaagct ggagattaag ggaagcacgt ccggctcagg 3540

gaagccgggc tccggcgagg gaagcacgaa ggggcaaatt cagctggtcc agagcggacc 3600

tgagctgaaa aaaccggcg agactgttaa gatcagttgt aaagcatctg gctatacctt 3660

caccgactac agcataaatt gggtgaaacg ggcccctgga aagggcctca aatggatggg 3720

ttggatcaat accgaaacta gggagcctgc ttatgcatat gacttccgcg ggagattcgc 3780

ctttcactc gagacatctg cctctactgc ttacctcaa ataaacaacc tcaagtatga 3840

agatacagcc acttactttt gcgcctcga ctatagttac gccatggact actggggaca 3900

gggaacctcc gttaccgtca gttccgctgc cgcaaccaca acacctgctc caaggccccc 3960

cacacccgct ccaactatag ccagccaacc attgagcctc agacctgaag cttgcaggcc 4020

cgcagcagga ggcgccgtcc atacgcgagg cctggacttc gcgtgtgata tttatatttg 4080

ggcccccttg gccggaacat gtgggggtgt gcttctctcc cttgtgatca ctctgtattg 4140

taagcgctgg agaaagaagc tcctgtacat cttcaagcag cttttatgc gacctgtgca 4200

aaccactcag gaagaagatg ggtgttcatt ccgcttcccc gaggaggaag aaggagggtg 4260

tgaactgagg gtgaaatttt ctagaagcgc cgatgctccc gcatatcagc agggtcagaa 4320

tcagctctac aatgaattga atctcgccag gcgagaagag tacgatgttc tggacaagag 4380

acggggcagg gatcccgaga tggggggaaa gcccgcgaga aaaaatcctc aggaggggtt 4440

gtacaatgag ctgcagaagg acaagatggc tgaagcctat agcgagatcg gaatgaaagg 4500

cgaaagacgc agaggcaagg ggcatgacgg tctgtaccag ggtctctcta cagccaccaa 4560

ggacacttat gatgcgttgc atatgcaagc cttgccccc cgctaattgac aggtaccttt 4620

aagaccaatg acttacaagg cagctgtaga tcttagccac tttttaaag aaaagggggg 4680

actggaaggg ctaattcact ccaaagaag acaagatctg cttttgcct gtactgggtc 4740

tctctgtta gaccagatct gagcctggga gctctctggc taactaggga acccactgct 4800

taagcctcaa taaagcttgc cttgagtgtc tcaatgtgtg tgttggttt ttgtgtgtcg 4860

aaattctagc gattctagct tggcgtaatc atggcatag ctgttcctg tgtgaaattg 4920

ttatccgctc acaattccac acaacatacg agccggaagc ataaagtga aagcctgggg 4980

tgcctaatga gtgagctaac tcacattaat tgcgttgcgc tctgccccg ctttcagtc 5040

gggaaacctg tcgtgccagc tgcattaatg aatcggccaa cgcgcgggga gaggcggttt 5100

gcgtattggg cgctcttcg cttcctcgt cactgactcg ctgcgtcgg tcgttcggct 5160

gcggcgagcg gtatcagctc actcaaaggc ggtaatacgg ttatccacag aatcagggga 5220

taacgcagga aagaacatgt gagcaaaagg ccagcaaaag gccaggaacc gtaaaaaggc 5280

cggttgctg gcgttttcc ataggctccg cccccctgac gagcatcaca aaaatcgacg 5340

ctcaagtcag aggtggcgaa acccgacagg actataaaga taccaggcgt tccccctgg 5400

aagtccttc gtgcgtctc ctgttcgac cctgccgctt accggatacc tgtccgctt 5460

tctcccttcg ggaagcgtgg cgcttttca tagctcacgc ttaggtatc tcagttcgtt 5520

gtaggtcgtt cgctccaagc tgggctgtgt gcacgaacct cccgttcagc ccgaccgtg 5580

cgcttatcc ggtaactatc gtcttgagtc caacccggtg agacacgact tatcgccact 5640

ggcagcagcc actgtaaca ggattagcag agcgaggatg gtaggcggtg ctacagagtt 5700

cttgaagtgg tggcctaact acggctacac tagaagaaca gtatttggtg tctgcgtctt 5760

gctgaagcca gttaccttcg gaaaaagagt tggtagctct tgatccggca aacaaaccac 5820

cgctggtagc ggtgggtttt ttgtttgcaa gcagcagatt acgcgcagaa aaaaaggatc 5880

tcaagaagat ctttgatct tttctacggg gtctgacgct cagtggaacg aaaactcacg 5940

ttaagggtatt ttgtcatga gattatcaaa aaggatcttc acctagatcc ttttaaatta 6000

aaaatgaagt tttaaatcaa tctaaagtat atatgagtaa acttgggtctg acagttacca 6060

atgcttaatc agtgaggcac ctatctcagc gatctgtcta tttcgttcat ccatagttgc 6120

ctgactcccc gtcgtgtaga taactacgat acgggagggc ttaccatctg gccccagtgc 6180

tgcaatgata ccgcgagacc cagctcacc ggctccagat ttatcagcaa taaaccagcc 6240

agccggaagg gccgagcgca gaagtgtcc tgcaacttta tccgcctcca tccagtctat 6300

taattgttcg cgggaagcta gagtaagtag ttcgccagtt aatagtttcg gcaacgttgt 6360

tgccattgct acaggcatcg tgggtgcacg ctcgtcgttt ggtatggctt cattcagctc 6420

cggttcccaa cgatcaaggc gagttacatg atcccccatg ttgtgcaaaa aagcggttag 6480

ctccttcggt cctccgatcg ttgtcagaag taagttggcc gcagtgttat cactcatggt 6540

tatggcagca ctgcataatt ctctactgt catgccatcc gtaagatgct tttctgtgac 6600

tggtgagtac tcaaccaagt cattctgaga atagtgtatg cggcgaccga gttgctcttg 6660

cccgcgctca atacgggata ataccgcgcc acatagcaga actttaaaag tgctcatcat 6720

tggaaaacgt tcttcggggc gaaaactctc aaggatctta ccgctgttga gatccagttc 6780

gatgtaaccc actcgtgcac ccaactgatc ttcagcatct ttactttca ccagcgtttc 6840

tgggtgagca aaaacaggaa ggcaaaatgc cgcaaaaaag ggaataaggc cgacacggaa 6900

atgttgaata ctcatctct tcctttttca atattattga agcatttatc agggttattg 6960

tctcatgagc ggatacatat ttgaatgtat ttagaaaaat aaacaaatag gggttccgcg 7020

cacatttccc cgaaaagtgc cacctgggac tagctttttg caaaagccta ggcctccaaa 7080

aaagcctcct cactacttct ggaatagctc agaggccgag gcggcctcgg cctctgcata 7140

aataaaaaaa attagtcagc catggggcgg agaatgggcg gaactgggcg gagttagggg 7200

cgggatgggc ggagttaggg gcgggactat ggttgctgac taattgagat gagcttgcac 7260

gccgacattg attattgact agtcctaag aaaccattct tatcatgaca ttaacctata 7320

aaaataggcg tatcacgagg ccctttcgtc 7350