

REIVINDICACIONES

1. Un anticuerpo aislado, o un fragmento de unión a antígeno del mismo, caracterizado porque se une específicamente a un epítipo del virus del Zika y neutraliza la infección del virus del Zika.

2. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 1, caracterizado porque la concentración del anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, requerida para una neutralización del 50% del virus del Zika (concentración inhibitoria del 50%, CI_{50}) es de hasta aproximadamente 1 $\mu\text{g/ml}$, preferiblemente hasta aproximadamente 500 ng/ml, más preferiblemente hasta aproximadamente 250 ng/ml, incluso más preferiblemente hasta aproximadamente 100 ng/ml, y lo más preferiblemente hasta aproximadamente 50 ng/ml.

3. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 1 o 2, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no se une esencialmente a partículas similares al virus del dengue y/o a la proteína envoltorio del dengue.

4. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-3, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no contribuye a la potenciación dependiente de anticuerpo de la infección por el virus del Zika.

5. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-4, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo humano.

6. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-5, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo monoclonal, preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano, más preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano recombinante.

7. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-6, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es del tipo IgG, preferiblemente del tipo IgG1.

8. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-7, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende un resto de la región de fragmento cristizable (Fc).

9. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 8, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una mutación en el resto Fc, en donde dicha mutación reduce la unión del anticuerpo a un receptor Fc.

5 10. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 8 o 9, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una mutación de la región constante de la cadena pesada 2 ("CH2", por sus siglas en inglés) L4A, una mutación de CH2 L5A, o ambas.

10 11. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-10, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une al dominio III de la proteína envolvente del virus del Zika.

15 12. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 11, caracterizado porque el dominio III de la proteína envolvente del virus del Zika comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos tal como se establece en SEQ ID NO: 401 o 407.

20 13. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 12, caracterizado porque el dominio III de la proteína envolvente del virus del Zika comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos tal como se establece en SEQ ID NO: 402.

25 14. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-13, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une a un epítipo de la proteína envolvente del virus del Zika, que incluye uno o más residuos de aminoácidos del borde lateral ("LR", por sus siglas en inglés) del dominio III de la proteína envolvente ("EDIII", por sus siglas en inglés) y/o uno o más residuos de aminoácidos de la región bisagra del dominio I de la proteína envolvente ("EDI", por sus siglas en inglés)-EDIII.

30 15. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 14, caracterizado porque el epítipo de la proteína envolvente del virus del Zika incluye uno o más residuos de aminoácidos del borde lateral (LR) de EDIII y uno o más residuos de aminoácidos de la región bisagra de EDI-EDIII.

35 16. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-10, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une a un epítipo cuaternario que se muestra en un virión infeccioso de ZIKV.

17. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-16, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, puede inhibir un paso posterior a la unión de ZIKV.

5 18. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 17, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, puede prevenir la fusión de membrana.

19. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-18, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, puede provocar la agregación de ZIKV (partículas).

10 20. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-19, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una región determinante de la complementariedad de la cadena pesada ("CDRH", por sus siglas en inglés) 1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que
15 comprende al menos una región determinante de la complementariedad de la cadena ligera ("CDRL", por sus siglas en inglés) 1, al menos una CDRL2 y al menos un CDRL3, en donde al menos una región determinante de la complementariedad ("CDR", por sus siglas en inglés), preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 75, 39, 21, 57, 239,
20 243, 247, 251, 255, 259, 263, 267, 271, 275, 279, 283, 287, 291, 295, 299, 303, 307, 311, 315, 319, 323, 327, 331, 335, 339, 343, 347, 351, 355, 359, 363, 367, 371, 375, 379, 383, 387, 391, 395 y 399, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
25 secuencia.

21. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 20, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una
30 CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos un CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 75, 39, 21 y 57 o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%,
35 al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

22. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 21, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno

del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una

5 secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

10 23. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-22, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de

15 aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 1, 19, 37, 55, 73, 237, 241, 245, 249, 253, 257, 261, 265, 269, 273, 277, 281, 285, 289, 293, 297, 301, 305, 309, 313, 317, 321, 325, 329, 333, 337, 341, 345, 349, 353, 357, 361, 365, 369, 373, 377, 381, 385, 389, 393 y 397, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%,

20 al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 2, 20, 38, 56, 74, 238, 242, 246, 250, 254, 258, 262, 266, 270, 274, 278, 282, 286, 290, 294, 298, 302, 306, 310, 314, 318, 322, 326, 330, 334, 338, 342, 346, 350, 354, 358, 362, 366, 370, 374, 378, 382, 386, 390, 394 y 398, o una variante de secuencia

25 funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 21, 39, 57, 75, 239, 243, 247, 251,

30 255, 259, 263, 267, 271, 275, 279, 283, 287, 291, 295, 299, 303, 307, 311, 315, 319, 323, 327, 331, 335, 339, 343, 347, 351, 355, 359, 363, 367, 371, 375, 379, 383, 387, 391, 395 y 399, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

35 24. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 23, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos

una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 1, 19, 37, 55 y 73, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 2, 20, 38, 56 y 74, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 21, 39, 57 y 75, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

25. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 24, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 1, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 2, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 3, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

26. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-25, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde
- 5 al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 4, 22, 40, 58 y 76, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;
- 10 (ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 5, 6, 23, 24, 41, 42, 59, 60, 77 y 78, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o
- 15 (iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs 7, 25, 43, 61 y 79, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.
- 20 27. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 26, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde
- 25 (i) al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 4, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;
- 30 (ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 5 o 6, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o
- 35 (iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 7, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos

70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

28. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad
- 5** con cualquiera de las reivindicaciones 20-27, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende las secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-3; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos
- 10** 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 19-21; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 37-39; o las variantes de secuencia funcional de
- 15** las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 55-57; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos
- 20** 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 73-75; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs:
- 25** 237-239; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 241-243; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (viii) de acuerdo con SEQ ID NOs:
- 30** 245-247; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 249-251; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al
- 35**

- menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (x) de acuerdo con SEQ ID NOs: 253-255; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 5** secuencia; (xi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 257-259; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 10** secuencia; (xii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 261-263; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 15** secuencia; (xiii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 265-267; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 20** secuencia; (xiv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 269-271; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 25** secuencia; (xv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 273-275; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 30** secuencia; (xvi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 277-279; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 35** secuencia; (xvii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 281-283; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- secuencia; (xviii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 285-287; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- secuencia; (xix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 289-291; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- secuencia; (xx) de acuerdo con SEQ ID NOs: 293-295; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al

5
10
15
20
25
30
35

al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xlii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 381-383; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xliii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 385-387; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xliv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 389-391; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xlv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 393-395; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xlvi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 397-399; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

29. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 28, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-5 y 7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-4 y 6-7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 19-23 y 25; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 19-22 y 24-25; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos

- 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 37-41 y 43; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de
- 5** identidad de secuencia; (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 37-40 y 42-43; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 55-59 y 61; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al
- 10** menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (viii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 55-58 y 60-61; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%,
- 15** al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 73-77 y 79; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de
- 20** identidad de secuencia; o (x) de acuerdo con SEQ ID NOs: 73-76 y 78-79; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

30. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 29, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a
- 25** antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-5 y 7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 30** secuencia; o (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-4 y 6-7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

31. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad
- 35** con cualquiera de las reivindicaciones 1-30, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una región variable de la cadena pesada ("V_H", por sus siglas en inglés) y, opcionalmente, una región variable de la cadena ligera ("V_L", por sus

siglas en inglés), en donde la región variable de la cadena pesada (V_H) comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 8, 26, 44, 62, 80, 240, 244, 248, 252, 256, 260, 264, 268, 272, 276, 280, 284, 288, 292, 296, 300, 304, 308, 312, 316, 320, 324, 328, 332, 336, 340, 344, 348, 352, 356, 360, 364, 368, 372, 376, 380, 384, 388, 392, 396 y 400; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

32. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-31, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende (i) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 8, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 9, o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 26, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 27, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 44, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 45 o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 62, o una variante de

- secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 63 o
- 5** una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (v) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 80, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%,
- 10** al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 81, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%,
- 15** al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

33. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 32, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una secuencia de aminoácidos de la región variable de la
- 20** cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 8, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 9, o una variante de
- 25** secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

34. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 32, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190, gZKA64, gZKA230, gZKA185 o gZKA78; preferiblemente, el
- 30** anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190, gZKA64, gZKA230 o gZKA185; más preferiblemente, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190 o gZKA64; y, lo más preferiblemente, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190.

- 35** 35. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo purificado, un anticuerpo

monocatenario, un fragmento de unión a antígeno ("Fab", por sus siglas en inglés), Fab', F(ab')₂, un fragmento variable (Fv) o un fragmento Fv monocatenario ("scFv", por sus siglas en inglés).

36 Una molécula de ácido nucleico caracterizada porque comprende un
5 polinucleótido que codifica el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones anteriores.

37 La molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 36,
 caracterizada porque la secuencia de polinucleótidos comprende o consiste en una secuencia
 de ácido nucleico de conformidad con cualquiera de SEQ ID NOs: 10-18, 28-36, 46-54, 64-72
10 y 82-90; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al
 menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al
 menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
 secuencia.

38. Un vector caracterizado porque comprende la molécula de ácido nucleico de
15 conformidad con la reivindicación 36 o 37.

39. Una célula caracterizada porque expresa el anticuerpo, o el fragmento de unión
 a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-35; o porque
 comprende el vector de conformidad con la reivindicación 38.

40. Una composición farmacéutica caracterizada porque comprende el anticuerpo,
20 o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las
 reivindicaciones 1-35, el ácido nucleico de conformidad con las reivindicaciones 36-37, el
 vector de conformidad con la reivindicación 38, y/o la célula de conformidad con la
 reivindicación 39.

41. La composición farmacéutica de conformidad con la reivindicación 40,
25 caracterizada porque comprende adicionalmente un excipiente, diluyente o portador
 farmacéuticamente aceptable.

42. La composición farmacéutica de conformidad con la reivindicación 40 o 41,
 caracterizada porque se proporciona como un producto de dosis única.

43. La composición farmacéutica de conformidad con cualquiera de las
30 reivindicaciones 40-42, caracterizada porque la cantidad del anticuerpo, o el fragmento de
 unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-20, no
 es superior a 500 mg, preferiblemente no es superior a 200 mg, más preferiblemente no es
 superior a 100 mg, e incluso más preferiblemente no es superior a 50 mg.

44. Un kit de partes caracterizado porque comprende al menos un anticuerpo, o el
35 fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las
 reivindicaciones 1-37, al menos un ácido nucleico de conformidad con cualquiera de las
 reivindicaciones 36-37, al menos un vector de conformidad con la reivindicación 38, al menos

una célula de conformidad con la reivindicación 39, o al menos una composición farmacéutica de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 40-43.

45. Un anticuerpo aislado, o un fragmento de unión a antígeno del mismo, caracterizado porque se une específicamente a la proteína no estructural 1 ("NS1", por sus siglas en inglés) del virus del ZIKA.
46. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 1 o 45, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no se une esencialmente a la proteína NS1 del virus del dengue ("DENV", por sus siglas en inglés).
47. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 45 o 46, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no se une esencialmente a la proteína NS1 del virus de la fiebre amarilla ("YFV", por sus siglas en inglés), la proteína NS1 del virus del Nilo Occidental ("WNV", por sus siglas en inglés), la proteína NS1 del virus de la encefalitis japonesa ("JEV", por sus siglas en inglés) y/o la proteína NS1 del virus de la encefalitis transmitida por garrapatas ("TBEV", por sus siglas en inglés).
48. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-47, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo humano.
49. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-48, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo monoclonal, preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano, más preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano recombinante.
50. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-49, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es del tipo IgG, preferiblemente del tipo IgG1.
51. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-50, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende un resto Fc.
52. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 51, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una mutación de CH2 L4A, una mutación de CH2 L5A, o ambas.
53. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-50, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no comprende una región Fc, en particular, un resto Fc.
54. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-53, caracterizado porque el anticuerpo, o el

fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo purificado, un anticuerpo monocatenario, un fragmento Fab, Fab', F(ab')₂, Fv o scFv.

55. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-54, caracterizado porque el anticuerpo, o el
5 fragmento de unión a antígeno del mismo, está biotinilado, tal como un fragmento Fab, Fab' o F(ab')₂ biotinilado.

56. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-55, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une al sitio antigénico S1 y/o al sitio antigénico S2 de la
10 proteína NS1 del virus del Zika.

57. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 56, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une al sitio antigénico S2 de la proteína NS1 del virus del Zika.

58. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad
15 con cualquiera de las reivindicaciones 45-57, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una
20 secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111, 129, 155, 159, 163, 167, 171, 175, 179, 183, 187, 191, 195, 199, 203, 207, 211, 215, 219, 223, 227, 231 y 235; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
25 secuencia.

59. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 58, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una
30 CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111 y 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al
35 menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

60. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 59, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno

del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una

5 secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

10 61. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-60, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

15 (i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 91, 109, 127, 153, 157, 161, 165, 169, 173, 177, 181, 185, 189, 193, 197, 201, 205, 209, 213, 217, 221, 225, 229 y 233; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

20 (ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 92, 110, 128, 154, 158, 162, 166, 170, 174, 178, 182, 186, 190, 194, 198, 202, 206, 210, 214, 218, 222, 226, 230 y 234; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos

25 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111, 129, 155, 159, 163, 167, 171, 175, 179, 183, 187, 191, 195, 199, 203, 207, 211, 215, 219, 223, 227, 231 y 235; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al

30 menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

35 62. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 61, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 91, 109 y 127, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 92, 110 y 128, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111 y 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

63. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 62, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 127, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 128, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

64. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-63, caracterizado porque el anticuerpo, o el

fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 94, 112 y 130, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 95, 96, 113, 114, 131 y 132, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 97, 115 y 133, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

65. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 64, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 130, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 131 o 132, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 133, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al

menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

66. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 46-65, caracterizado porque el anticuerpo, o el
- 5** fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende las secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 91-93; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con
- 10** SEQ ID NOs: 109-111; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-129; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%,
- 15** al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 153-155; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de
- 20** identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 157-159; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 161-163; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al
- 25** menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 165-167; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%,
- 30** al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (viii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 169-171; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 173-175; o las variantes de
- 35** secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (x) de acuerdo con

- SEQ ID NOs: 177-179; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 181-183; o las variantes de
- 5** secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 185-187; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al
- 10** menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xiii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 189-191; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xiv) de acuerdo
- 15** con SEQ ID NOs: 193-195; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 197-199; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%,
- 20** al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xvi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 201-203; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99%
- 25** de identidad de secuencia; (xvii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 205-207; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xviii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 209-211; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan
- 30** al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 213-215; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%,
- 35** al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xx) de acuerdo con SEQ ID NOs: 217-219; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al

menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xxi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 221-223; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xxii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 225-227; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xxiii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 229-231; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (xxiv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 233-235; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

67. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 66, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 91-95 y 97; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 91-94 y 96-97; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 109-113 y 115; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 109-112 y 114-115; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-131 y 133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos

98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-130 y 132-133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

5

68. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 67, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-131 y 133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-130 y 132-133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

10

15

69. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-68, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una región variable de la cadena pesada (V_H) y, opcionalmente, una región variable de la cadena ligera (V_L), en donde la región variable de la cadena pesada (V_H) comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 98, 116, 134, 156, 160, 164, 168, 172, 176, 180, 184, 188, 192, 196, 200, 204, 208, 212, 216, 220, 224, 228, 232 y 236; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

20

25

70. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-69, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende (i) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 98, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 99, o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii)

30

35

una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 116, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 117, o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (iii) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 134, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 135, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

71. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 70, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 134, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 135, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

72. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 70 o 71, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA15, gZKA25, o gZKA35; preferiblemente, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA35.

73. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-72, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, está etiquetado, por ejemplo, biotinilado o conjugado con peroxidasa de rábano picante ("HRP", por sus siglas en inglés).

74. Un complejo caracterizado porque comprende

(i) el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 59-87; y

(ii) una etiqueta.

5 75. Una molécula de ácido nucleico caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73, o el complejo de conformidad con la reivindicación 88.

10 76. La molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75, caracterizada porque la secuencia de polinucleótidos comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico de conformidad con cualquiera de SEQ ID NOs: 100-108, 118-126 y 136-144; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

15 77. Un vector caracterizado porque comprende la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76.

20 78. Una célula caracterizada porque (i) expresa el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73, o el complejo de conformidad con la reivindicación 88; o (ii) comprende el vector de conformidad con la reivindicación 76.

25 79. Una composición caracterizada porque comprende el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 74; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; y/o la célula de conformidad con la reivindicación 78.

30 80. Un kit de partes caracterizado porque comprende el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 88; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; la célula de conformidad con la reivindicación 78; y/o la composición de conformidad con la reivindicación 93.

81. Un ensayo de bloqueo de unión para el diagnóstico *in vitro* de la infección por el virus del Zika, caracterizado porque comprende los siguientes pasos:

35 (i) añadir una muestra aislada de un sujeto a diagnosticar a una placa recubierta con proteína NS1 de ZIKV e incubar dicha muestra en dicha placa,

(ii) añadir el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 59-87 o el complejo de conformidad con la reivindicación 88,

(iii) determinar la inhibición de la unión de la unión de dicho anticuerpo o fragmento de unión a antígeno del mismo.

82. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con la reivindicación 81, caracterizado porque la muestra aislada de un sujeto a diagnosticar se selecciona de sangre, saliva y orina; preferiblemente la muestra es una muestra de sangre, tal como sangre entera, plasma o suero.

83. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con la reivindicación 81 u 82, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, añadido en el paso (ii), está etiquetado, preferiblemente biotinilado o conjugado con peroxidasa de rábano picante (HRP).

84. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 81-83, caracterizado porque la muestra aislada de un sujeto a diagnosticar se diluye, por ejemplo 1:5-1:50, preferiblemente 1: 5-1: 25, tal como 1: 10.

85. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 81-84, caracterizado porque el tiempo de incubación en el paso (i) es de al menos 5 minutos, preferiblemente al menos 15 minutos, más preferiblemente al menos 30 minutos, incluso más preferiblemente al menos 45 minutos, y lo más preferiblemente al menos 60 minutos.

86. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 81-85, caracterizado porque en el paso (ii) después de añadir el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, se incuba durante al menos 1 minuto, preferiblemente al menos 3 minutos, más preferiblemente al menos 5 min, incluso más preferiblemente al menos 10 min, y lo más preferiblemente al menos 15 min.

87. Un método para el diagnóstico (*in vitro*) de la infección por el virus del Zika, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 74; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; la célula de conformidad con la reivindicación 78; la composición de conformidad con la reivindicación 79; y/o el kit de partes de conformidad con la reivindicación 80 se utiliza para determinar si una muestra aislada (de un fluido corporal), tal como una muestra de sangre aislada, está infectada con el virus del Zika.

88. Un kit de partes, caracterizado porque comprende

(i) el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 74; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; la célula de conformidad con la reivindicación 78; la composición de conformidad con la reivindicación 79; y/o el kit de partes de conformidad con la reivindicación 80; y

(ii) el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-37, el ácido nucleico de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 36-37, el vector de conformidad con la reivindicación 38, la célula de conformidad con la reivindicación 39, y/o la composición farmacéutica de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 40-43.

15

20

25

30

35

P-2018/16428

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO
DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

E. S. D.

Ref.: Expediente No. **NC2019/0001111**
Solicitud de patente de invención PCT a nombre de **HUMABS BIOMED SA**

1. Yo, CAROLINA DAZA MONTALVO, identificada como aparece al pie de mi firma, domiciliada en la Carrera 11 No. 86-53, piso 3, obrando como apoderada de la solicitante de la invención que se tramita en el expediente de la referencia, **HUMABS BIOMED SA**, en respuesta al Oficio No. 1406 notificado el 14 de febrero de 2019, atentamente me permito presentar los siguientes documentos:

1.1. **Poder (Art. 26 D 486, literal f):** De acuerdo con el requerimiento del Examinador, acompaño con este escrito el poder conferido a mi favor por la sociedad **HUMABS BIOMED SA.**, el cual me faculta para representarla en el trámite de la solicitud de la referencia.

Solicito a ese Despacho tener en cuenta que mi representada modificó su domicilio a "Via dei Gaggini 3, 6500 Bellinzona, Suiza" y que este cambio ya fue efectuado ante ese Despacho mediante la opción de Gestión de Personas.

1.2. **Pago por Excedentes de reivindicaciones:** Atentamente me permito manifestar a ese Despacho, que con fundamento en la facultad que confiere el Art. 34 de la Decisión 486 al solicitante para modificar la solicitud de patente en cualquier momento del trámite, mi representada presenta modificación al capítulo reivindicatorio inicialmente presentado, con el propósito de enfocar el estudio de la solicitud en la materia que puede ser objeto de patentabilidad de acuerdo con nuestra legislación.

En cuanto a estas modificaciones, es claro que las mismas no amplían de ninguna manera la materia objeto de la presente solicitud y que fueron realizadas con el ánimo de facilitar el examen de la misma y ajustarla a las normas de patentabilidad en Colombia.

De acuerdo con lo anterior y para el efecto del pago de la tasa por reivindicaciones adicionales, atentamente nos permitimos adjuntar lo siguiente:

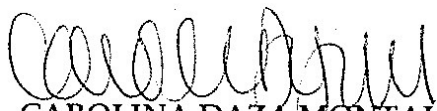
1.2.1. Comprobante de pago por la tasa oficial correspondiente a 78 reivindicaciones adicionales.

1.2.2. Comprobante de pago por la tasa correspondiente a la modificación voluntaria del pliego reivindicatorio.

1.2.3. Nuevo capítulo reivindicatorio conformado por 88 reivindicaciones.

2. Habiendo atendido cabalmente las objeciones presentadas por ese Despacho en el oficio No. 1406, solicito atentamente sea tomada en cuenta la información aquí presentada y continuar con el trámite de la presente solicitud.

Señor Director,



CAROLINA DAZA MONTALVO

C.C. 66.783.790 de Palmira Valle

TP-141563 CSJ

notificaciones@clarkemodet.com.co

Clarke, Modet & C°

COLOMBIA

PODER

Yo (nosotros), abajo firmante(s) _____
en mi (nuestro) carácter de representante(s) legales de

HUMABS BIOMED SA

una sociedad organizada y existente de acuerdo con las leyes de

y en actual cumplimiento de su objeto social, con domicilio Via
dei Gaggini 3, 6500 Bellinzona, Suiza

por el presente instrumento confiero (conferimos) poder especial
a favor de **CAROLINA MERCEDES DAZA MONTALVO**,
con Cédula de Ciudadanía No. 66.783.790 de Palmira Valle, y
Tarjeta Profesional. 141563 con domicilio en Bogotá, Colombia,
para que actuando en su orden en nombre del (de la) otorgante le
(la) representen ante cualquier entidad, autoridad y/o persona,
especialmente ante las del orden Administrativo, Contencioso
Administrativo, Judicial, Tribunales de Arbitramento y/o
cualquier otro en lo referente a los siguientes asuntos:

1) Solicitar, tramitar, obtener y/o registrar cualquiera de las
modalidades de Propiedad Industrial, tales como: patentes de
invención, modelos de utilidad; diseños industriales, variedades
vegetales; marcas, lemas, nombres y enseñanzas comerciales y
denominaciones de origen; así como sus renovaciones, prórrogas,
transferencias, cambios de nombre y/o domicilio, contratos y
licencias.

2) Solicitar, tramitar, obtener y/o registrar derechos de autor, en
cualquiera de sus presentaciones, así como la protección de
secretos industriales y know-how.

3) Solicitar, tramitar, obtener y/o registrar registros sanitarios,
adicionar o excluir importador, permisos y/o licencias de
funcionamiento; así como sus renovaciones o prórrogas,
transferencias, cambios de nombre y/o domicilio, contratos y
licencias.

4) Ejercer acciones de oposición, observación, reclamos,
reconsideración, reposición, apelación, cancelación
administrativa o judicial, nulidad, protección al consumidor,
concesión de licencias, protección de secretos industriales y
demás acciones y recursos relacionados con derechos derivados
de los asuntos arriba indicados y en contra de la competencia
desleal, acciones derivadas de la obtención o explotación de
licencias, acciones de indemnización de perjuicios. También
podrá(n) intervenir en juicios civiles, comerciales, penales,
contencioso-administrativos, tutelas y de policía; en acciones o
juicios promovidos por el (la) mandante o en contra él (ella).

5) Registrar nombres de dominio ante la entidad competente.

6) En el ejercicio de este mandato los mandatarios arriba
mencionados quedan facultados para: conciliar, cancelar,
transigir, comprometer en árbitros, desistir, recibir y tomar
posesión de la cosa objeto de litigio y renunciar o desistir a

POWER OF ATTORNEY

I (we), the undersigned _____
legal representative(s) of

FILIPPO RIVA

HUMABS BIOMED SA

an organization existing under the laws of

and in present execution of its business activity, domiciled Via dei
Gaggini 3, 6500 Bellinzona, CH

do hereby grant POWER OF ATTORNEY to **CAROLINA
MERCEDES DAZA MONTALVO** IA No. 66.783.790 of Palmira
Valle, and Attorney ID No. 141563 residing in Bogotá Colombia, to
act in the order of their appointment in behalf of grantor before any
entity, authority and/or natural or juridical person, specially before
those Administrative, Administrative-Contentious, Judicial,
arbitration courts, and/or any other, in all matters concerning the
following:

1) To apply, process, obtain and/or register any of the modalities of
industrial property, such as: patents of invention, utility models;
designs, plant varieties; trademarks, slogans, trade names, emblems
and appellations of origin; as well as their renewals, time extensions,
assignments, changes of name and/or domicile, agreements and
licenses.

2) To apply, process, obtain and/or register copyrights of any kind as
well as protection of industrial secrets or know-how.

3) To apply, process, obtain and/or register, health permits, add or
exclude importers, operating authorizations and/or licenses; as well as
their renewals, time extensions, or assignments, changes of name
and/or domicile, agreements and licenses.

4) To bring actions of oppositions, observations, claims,
reconsiderations, appeals or legal remedies, cancellations, nullity
claims, consumer protection, granting of licenses, protection of trade
secrets and other actions related with rights derived from the above-
mentioned matters and against unfair competition acts, actions
resulting from the obtaining or exploitation of licenses, recovering
damages actions. They can also intervene or participate in Civil,
Commercial, Criminal or Contentious-Administrative Trials; the
actions for writ mandamus, police actions; in actions, lawsuits or
litigations instituted by the grantor or against him.

5) To register domain names before the competent entity.

6) To the effect of this mandate the above-named proxy is empowered
to: conciliate, cancel, settle, submit to arbitration, withdraw and to
receive and take possession of the litigation related object and waive or

Clarke, Modet & C^o
COLOMBIA

derechos concedidos o en curso de concesión, admitir los hechos del proceso.

renounce the rights granted or in process of granting, admit the facts of the case.

7) Ratificar o no la agencia oficiosa.

7) To ratify or not the officious agency.

8) Así mismo faculto (facultamos) a los mencionados apoderados para recibir notificaciones y designar apoderados judiciales o extrajudiciales, sustituir el presente poder y revocar las sustituciones que hicieren.

8) I (we) hereby appoint the above mentioned attorney with powers to receive notifications and to designate judicial and extrajudicial attorneys, substitute this Power of Attorney and to revoke such substitutions.

Dado y firmado en _____

Granted and signed at BELLINZONA

a los _____ días de _____

on this 22 day of FEBRUARY of 2019


Firma / Signature

REIVINDICACIONES

1. Un anticuerpo aislado, o un fragmento de unión a antígeno del mismo, caracterizado porque se une específicamente a un epítopo del virus del Zika y neutraliza la infección del virus del Zika.

2. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 1, caracterizado porque la concentración del anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, requerida para una neutralización del 50% del virus del Zika (concentración inhibitoria del 50%, CI_{50}) es de hasta aproximadamente 1 $\mu\text{g/ml}$, preferiblemente hasta aproximadamente 500 ng/ml, más preferiblemente hasta aproximadamente 250 ng/ml, incluso más preferiblemente hasta aproximadamente 100 ng/ml, y lo más preferiblemente hasta aproximadamente 50 ng/ml.

3. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 1 o 2, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no se une esencialmente a partículas similares al virus del dengue y/o a la proteína envoltante del dengue.

4. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-3, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no contribuye a la potenciación dependiente de anticuerpo de la infección por el virus del Zika.

5. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-4, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo humano.

6. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-5, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo monoclonal, preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano, más preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano recombinante.

7. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-6, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es del tipo IgG, preferiblemente del tipo IgG1.

8. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-7, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende un resto de la región de fragmento cristizable (Fc).

9. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 8, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una mutación en el resto Fc, en donde dicha mutación reduce la unión del anticuerpo a un receptor Fc.

5 10. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 8 o 9, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una mutación de la región constante de la cadena pesada 2 ("CH2", por sus siglas en inglés) L4A, una mutación de CH2 L5A, o ambas.

10 11. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-10, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une al dominio III de la proteína envolvente del virus del Zika.

15 12. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 11, caracterizado porque el dominio III de la proteína envolvente del virus del Zika comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos tal como se establece en SEQ ID NO: 401 o 407.

20 13. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 12, caracterizado porque el dominio III de la proteína envolvente del virus del Zika comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos tal como se establece en SEQ ID NO: 402.

25 14. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-13, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une a un epítipo de la proteína envolvente del virus del Zika, que incluye uno o más residuos de aminoácidos del borde lateral ("LR", por sus siglas en inglés) del dominio III de la proteína envolvente ("EDIII", por sus siglas en inglés) y/o uno o más residuos de aminoácidos de la región bisagra del dominio I de la proteína envolvente ("EDI", por sus siglas en inglés)-EDIII.

30 15. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 14, caracterizado porque el epítipo de la proteína envolvente del virus del Zika incluye uno o más residuos de aminoácidos del borde lateral (LR) de EDIII y uno o más residuos de aminoácidos de la región bisagra de EDI-EDIII.

35 16. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-10, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une a un epítipo cuaternario que se muestra en un virión infeccioso de ZIKV.

17. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-16, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, puede inhibir un paso posterior a la unión de ZIKV.

5 18. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 17, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, puede prevenir la fusión de membrana.

19. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-18, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, puede provocar la agregación de ZIKV (partículas).

10 20. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-19, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una región determinante de la complementariedad de la cadena pesada ("CDRH", por sus siglas en inglés) 1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que
15 comprende al menos una región determinante de la complementariedad de la cadena ligera ("CDRL", por sus siglas en inglés) 1, al menos una CDRL2 y al menos un CDRL3, en donde al menos una región determinante de la complementariedad ("CDR", por sus siglas en inglés), preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una
20 secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 75, 39, 21, 57, 239, 243, 247, 251, 255, 259, 263, 267, 271, 275, 279, 283, 287, 291, 295, 299, 303, 307, 311, 315, 319, 323, 327, 331, 335, 339, 343, 347, 351, 355, 359, 363, 367, 371, 375, 379, 383, 387, 391, 395 y 399, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
25 secuencia.

21. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 20, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una
30 CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos un CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 75, 39, 21 y 57 o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%,
35 al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

22. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 21, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno

del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una

5 secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

10 23. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-22, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de

15 aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 1, 19, 37, 55, 73, 237, 241, 245, 249, 253, 257, 261, 265, 269, 273, 277, 281, 285, 289, 293, 297, 301, 305, 309, 313, 317, 321, 325, 329, 333, 337, 341, 345, 349, 353, 357, 361, 365, 369, 373, 377, 381, 385, 389, 393 y 397, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%,

20 al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 2, 20, 38, 56, 74, 238, 242, 246, 250, 254, 258, 262, 266, 270, 274, 278, 282, 286, 290, 294, 298, 302, 306, 310, 314, 318, 322, 326, 330, 334, 338, 342, 346, 350, 354, 358, 362, 366, 370, 374, 378, 382, 386, 390, 394 y 398, o una variante de secuencia

25 funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 21, 39, 57, 75, 239, 243, 247, 251,

30 255, 259, 263, 267, 271, 275, 279, 283, 287, 291, 295, 299, 303, 307, 311, 315, 319, 323, 327, 331, 335, 339, 343, 347, 351, 355, 359, 363, 367, 371, 375, 379, 383, 387, 391, 395 y 399, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

35 24. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 23, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos

una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 1, 19, 37, 55 y 73, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 2, 20, 38, 56 y 74, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 3, 21, 39, 57 y 75, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

25. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 24, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 1, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 2, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 3, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

26. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-25, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde
- 5 al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 4, 22, 40, 58 y 76, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;
- 10 (ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 5, 6, 23, 24, 41, 42, 59, 60, 77 y 78, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o
- 15 (iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs 7, 25, 43, 61 y 79, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.
- 20 27. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 26, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde
- 25 (i) al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 4, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;
- 30 (ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 5 o 6, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o
- 35 (iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 7, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos

70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

28. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad
- 5** con cualquiera de las reivindicaciones 20-27, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende las secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-3; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos
- 10** 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 19-21; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 37-39; o las variantes de secuencia funcional de
- 15** las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 55-57; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos
- 20** 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 73-75; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs:
- 25** 237-239; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 241-243; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al
- 30** menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (viii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 245-247; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 35** secuencia; (ix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 249-251; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al

- menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (x) de acuerdo con SEQ ID NOs: 253-255; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 5** secuencia; (xi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 257-259; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 10** secuencia; (xii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 261-263; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 15** secuencia; (xiii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 265-267; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 20** secuencia; (xiv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 269-271; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 25** secuencia; (xv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 273-275; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 30** secuencia; (xvi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 277-279; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 35** secuencia; (xvii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 281-283; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- secuencia; (xviii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 285-287; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- secuencia; (xix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 289-291; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- secuencia; (xx) de acuerdo con SEQ ID NOs: 293-295; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al

5

10

15

20

25

30

35

al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xlii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 381-383; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xliii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 385-387; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xliv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 389-391; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xlv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 393-395; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xlvi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 397-399; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

29. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 28, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-5 y 7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-4 y 6-7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 19-23 y 25; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 19-22 y 24-25; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos

- 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 37-41 y 43; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de
- 5** identidad de secuencia; (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 37-40 y 42-43; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 55-59 y 61; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al
- 10** menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (viii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 55-58 y 60-61; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%,
- 15** al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 73-77 y 79; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de
- 20** identidad de secuencia; o (x) de acuerdo con SEQ ID NOs: 73-76 y 78-79; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

30. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 29, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a
- 25** antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-5 y 7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
- 30** secuencia; o (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 1-4 y 6-7; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

31. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad
- 35** con cualquiera de las reivindicaciones 1-30, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una región variable de la cadena pesada ("V_H", por sus siglas en inglés) y, opcionalmente, una región variable de la cadena ligera ("V_L", por sus

siglas en inglés), en donde la región variable de la cadena pesada (V_H) comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 8, 26, 44, 62, 80, 240, 244, 248, 252, 256, 260, 264, 268, 272, 276, 280, 284, 288, 292, 296, 300, 304, 308, 312, 316, 320, 324, 328, 332, 336, 340, 344, 348, 352, 356, 360, 364, 368, 372, 376, 380, 384, 388, 392, 396 y 400; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

32. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-31, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende (i) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 8, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 9, o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 26, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 27, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 44, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 45 o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 62, o una variante de

- secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 63 o
- 5** una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (v) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 80, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%,
- 10** al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 81, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%,
- 15** al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

33. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 32, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una secuencia de aminoácidos de la región variable de la
- 20** cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 8, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 9, o una variante de
- 25** secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

34. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 32, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190, gZKA64, gZKA230, gZKA185 o gZKA78; preferiblemente, el
- 30** anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190, gZKA64, gZKA230 o gZKA185; más preferiblemente, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190 o gZKA64; y, lo más preferiblemente, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA190.

- 35** 35. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo purificado, un anticuerpo

monocatenario, un fragmento de unión a antígeno ("Fab", por sus siglas en inglés), Fab', F(ab')₂, un fragmento variable (Fv) o un fragmento Fv monocatenario ("scFv", por sus siglas en inglés).

5 36 Una molécula de ácido nucleico caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones anteriores.

10 37 La molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 36, caracterizada porque la secuencia de polinucleótidos comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico de conformidad con cualquiera de SEQ ID NOs: 10-18, 28-36, 46-54, 64-72 y 82-90; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

15 38. Un vector caracterizado porque comprende la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 36 o 37.

39. Una célula caracterizada porque expresa el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-35; o porque comprende el vector de conformidad con la reivindicación 38.

20 40. Una composición farmacéutica caracterizada porque comprende el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-35, el ácido nucleico de conformidad con las reivindicaciones 36-37, el vector de conformidad con la reivindicación 38, y/o la célula de conformidad con la reivindicación 39.

25 41. La composición farmacéutica de conformidad con la reivindicación 40, caracterizada porque comprende adicionalmente un excipiente, diluyente o portador farmacéuticamente aceptable.

42. La composición farmacéutica de conformidad con la reivindicación 40 o 41, caracterizada porque se proporciona como un producto de dosis única.

30 43. La composición farmacéutica de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 40-42, caracterizada porque la cantidad del anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-20, no es superior a 500 mg, preferiblemente no es superior a 200 mg, más preferiblemente no es superior a 100 mg, e incluso más preferiblemente no es superior a 50 mg.

35 44. Un kit de partes caracterizado porque comprende al menos un anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-37, al menos un ácido nucleico de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 36-37, al menos un vector de conformidad con la reivindicación 38, al menos

una célula de conformidad con la reivindicación 39, o al menos una composición farmacéutica de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 40-43.

5 45. Un anticuerpo aislado, o un fragmento de unión a antígeno del mismo, caracterizado porque se une específicamente a la proteína no estructural 1 (“NS1”, por sus siglas en inglés) del virus del ZIKA.

46. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 1 o 45, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no se une esencialmente a la proteína NS1 del virus del dengue (“DENV”, por sus siglas en inglés).

10 47. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 45 o 46, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no se une esencialmente a la proteína NS1 del virus de la fiebre amarilla (“YFV”, por sus siglas en inglés), la proteína NS1 del virus del Nilo Occidental (“WNV”, por sus siglas en inglés), la proteína NS1 del virus de la encefalitis japonesa (“JEV”, por sus siglas en inglés) y/o la proteína NS1 del virus de la encefalitis transmitida por garrapatas (“TBEV”, por sus siglas en inglés).

48. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-47, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo humano.

20 49. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-48, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo monoclonal, preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano, más preferiblemente un anticuerpo monoclonal humano recombinante.

25 50. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-49, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, es del tipo IgG, preferiblemente del tipo IgG1.

51. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-50, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende un resto Fc.

30 52. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 51, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una mutación de CH2 L4A, una mutación de CH2 L5A, o ambas.

35 53. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-50, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, no comprende una región Fc, en particular, un resto Fc.

54. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-53, caracterizado porque el anticuerpo, o el

fragmento de unión a antígeno del mismo, es un anticuerpo purificado, un anticuerpo monocatenario, un fragmento Fab, Fab', F(ab')₂, Fv o scFv.

55. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-54, caracterizado porque el anticuerpo, o el
5 fragmento de unión a antígeno del mismo, está biotinilado, tal como un fragmento Fab, Fab' o F(ab')₂ biotinilado.

56. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-55, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une al sitio antigénico S1 y/o al sitio antigénico S2 de la
10 proteína NS1 del virus del Zika.

57. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 56, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, se une al sitio antigénico S2 de la proteína NS1 del virus del Zika.

58. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad
15 con cualquiera de las reivindicaciones 45-57, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una
20 secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111, 129, 155, 159, 163, 167, 171, 175, 179, 183, 187, 191, 195, 199, 203, 207, 211, 215, 219, 223, 227, 231 y 235; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de
25 secuencia.

59. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 58, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una
30 CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111 y 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al
35 menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

60. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 59, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno

del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde al menos una CDR, preferiblemente al menos una CDRH3 de cadena pesada, comprende o consiste en una

5 secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

10 61. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-60, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

15 (i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 91, 109, 127, 153, 157, 161, 165, 169, 173, 177, 181, 185, 189, 193, 197, 201, 205, 209, 213, 217, 221, 225, 229 y 233; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

20 (ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 92, 110, 128, 154, 158, 162, 166, 170, 174, 178, 182, 186, 190, 194, 198, 202, 206, 210, 214, 218, 222, 226, 230 y 234; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos

25 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111, 129, 155, 159, 163, 167, 171, 175, 179, 183, 187, 191, 195, 199, 203, 207, 211, 215, 219, 223, 227, 231 y 235; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al

30 menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

35 62. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 61, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 91, 109 y 127, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 92, 110 y 128, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 93, 111 y 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

63. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 62, caracterizado porque el anticuerpo, o fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRH1 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 127, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRH2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 128, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRH3 de cadena pesada comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 129, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

64. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-63, caracterizado porque el anticuerpo, o el

fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 94, 112 y 130, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 95, 96, 113, 114, 131 y 132, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 97, 115 y 133, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

65. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 64, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una cadena pesada que comprende al menos una CDRH1, al menos una CDRH2 y al menos una CDRH3, y una cadena ligera que comprende al menos una CDRL1, al menos una CDRL2 y al menos una CDRL3, en donde

(i) al menos una CDRL1 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 130, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia;

(ii) al menos una CDRL2 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 131 o 132, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o

(iii) al menos una CDRL3 comprende una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 133, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al

menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

66. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 46-65, caracterizado porque el anticuerpo, o el
- 5** fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende las secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 91-93; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con
- 10** SEQ ID NOs: 109-111; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-129; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%,
- 15** al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 153-155; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de
- 20** identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 157-159; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 161-163; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al
- 25** menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (vii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 165-167; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%,
- 30** al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (viii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 169-171; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 173-175; o las variantes de
- 35** secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (x) de acuerdo con

- SEQ ID NOs: 177-179; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 181-183; o las variantes de
- 5** secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 185-187; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al
- 10** menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xiii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 189-191; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xiv) de acuerdo
- 15** con SEQ ID NOs: 193-195; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 197-199; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%,
- 20** al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xvi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 201-203; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99%
- 25** de identidad de secuencia; (xvii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 205-207; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xviii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 209-211; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan
- 30** al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xix) de acuerdo con SEQ ID NOs: 213-215; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%,
- 35** al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xx) de acuerdo con SEQ ID NOs: 217-219; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al

menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xxi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 221-223; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xxii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 225-227; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (xxiii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 229-231; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (xxiv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 233-235; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

67. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 66, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 91-95 y 97; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 91-94 y 96-97; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 109-113 y 115; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (iv) de acuerdo con SEQ ID NOs: 109-112 y 114-115; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (v) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-131 y 133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos

98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (vi) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-130 y 132-133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

5

68. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 67, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende secuencias de aminoácidos de CDRH1, CDRH2 y CDRH3, y secuencias de aminoácidos de CDRL1, CDRL2 y CDRL3 (i) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-131 y 133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tengan al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (ii) de acuerdo con SEQ ID NOs: 127-130 y 132-133; o las variantes de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

10

15

69. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-68, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una región variable de la cadena pesada (V_H) y, opcionalmente, una región variable de la cadena ligera (V_L), en donde la región variable de la cadena pesada (V_H) comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos de acuerdo con cualquiera de SEQ ID NOs: 98, 116, 134, 156, 160, 164, 168, 172, 176, 180, 184, 188, 192, 196, 200, 204, 208, 212, 216, 220, 224, 228, 232 y 236; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

20

25

70. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-69, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende (i) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 98, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 99, o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; (ii)

30

35

una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 116, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 117, o una variante de la secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; o (iii) una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 134, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 135, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

71. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 70, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, comprende una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena pesada (V_H) de acuerdo con SEQ ID NO: 134, o una variante de secuencia funcional de la misma que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia; y/o una secuencia de aminoácidos de la región variable de la cadena ligera (V_L) de acuerdo con SEQ ID NO: 135, o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

72. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con la reivindicación 70 o 71, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA15, gZKA25, o gZKA35; preferiblemente, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, es gZKA35.

73. El anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-72, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, está etiquetado, por ejemplo, biotinilado o conjugado con peroxidasa de rábano picante ("HRP", por sus siglas en inglés).

74. Un complejo caracterizado porque comprende

(i) el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 59-87; y

(ii) una etiqueta.

5 75. Una molécula de ácido nucleico caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73, o el complejo de conformidad con la reivindicación 88.

10 76. La molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75, caracterizada porque la secuencia de polinucleótidos comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico de conformidad con cualquiera de SEQ ID NOs: 100-108, 118-126 y 136-144; o una variante de secuencia funcional de las mismas que tenga al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 88%, al menos 90%, al menos 92%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% de identidad de secuencia.

15 77. Un vector caracterizado porque comprende la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76.

20 78. Una célula caracterizada porque (i) expresa el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73, o el complejo de conformidad con la reivindicación 88; o (ii) comprende el vector de conformidad con la reivindicación 76.

25 79. Una composición caracterizada porque comprende el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 74; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; y/o la célula de conformidad con la reivindicación 78.

30 80. Un kit de partes caracterizado porque comprende el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 88; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; la célula de conformidad con la reivindicación 78; y/o la composición de conformidad con la reivindicación 93.

81. Un ensayo de bloqueo de unión para el diagnóstico *in vitro* de la infección por el virus del Zika, caracterizado porque comprende los siguientes pasos:

35 (i) añadir una muestra aislada de un sujeto a diagnosticar a una placa recubierta con proteína NS1 de ZIKV e incubar dicha muestra en dicha placa,

(ii) añadir el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 59-87 o el complejo de conformidad con la reivindicación 88,

(iii) determinar la inhibición de la unión de la unión de dicho anticuerpo o fragmento de unión a antígeno del mismo.

82. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con la reivindicación 81, caracterizado porque la muestra aislada de un sujeto a diagnosticar se selecciona de sangre, saliva y orina; preferiblemente la muestra es una muestra de sangre, tal como sangre entera, plasma o suero.

83. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con la reivindicación 81 u 82, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, añadido en el paso (ii), está etiquetado, preferiblemente biotinilado o conjugado con peroxidasa de rábano picante (HRP).

84. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 81-83, caracterizado porque la muestra aislada de un sujeto a diagnosticar se diluye, por ejemplo 1:5-1:50, preferiblemente 1:5-1:25, tal como 1:10.

85. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 81-84, caracterizado porque el tiempo de incubación en el paso (i) es de al menos 5 minutos, preferiblemente al menos 15 minutos, más preferiblemente al menos 30 minutos, incluso más preferiblemente al menos 45 minutos, y lo más preferiblemente al menos 60 minutos.

86. El ensayo de bloqueo de unión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 81-85, caracterizado porque en el paso (ii) después de añadir el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, se incuba durante al menos 1 minuto, preferiblemente al menos 3 minutos, más preferiblemente al menos 5 min, incluso más preferiblemente al menos 10 min, y lo más preferiblemente al menos 15 min.

87. Un método para el diagnóstico (*in vitro*) de la infección por el virus del Zika, caracterizado porque el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 74; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; la célula de conformidad con la reivindicación 78; la composición de conformidad con la reivindicación 79; y/o el kit de partes de conformidad con la reivindicación 80 se utiliza para determinar si una muestra aislada (de un fluido corporal), tal como una muestra de sangre aislada, está infectada con el virus del Zika.

88. Un kit de partes, caracterizado porque comprende

(i) el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 45-73; el complejo de conformidad con la reivindicación 74; la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 75 o 76; el vector de conformidad con la reivindicación 77; la célula de conformidad con la reivindicación 78; la
5 composición de conformidad con la reivindicación 79; y/o el kit de partes de conformidad con la reivindicación 80; y

(ii) el anticuerpo, o el fragmento de unión a antígeno del mismo, de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1-37, el ácido nucleico de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 36-37, el vector de conformidad con la reivindicación 38, la célula de
10 conformidad con la reivindicación 39, y/o la composición farmacéutica de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 40-43.

15

20

25

30

35



SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT: 800.176.089-2

COMPROBANTE DE RECAUDO SISTEMA SIPI

Radicado: NC2019/0001111
Recibo: 19-29666
Fecha: 15/04/2019

CAROLINA MERCEDES DAZA MONTALVO
CC: 66.783.790
Pago PSE No: 278054
CUS: 436160192

Patente PCT
ANTICUERPOS NUEVOS QUE SE UNEN ESPECÍFICAMENTE A LOS EPÍTOPOS DEL VIRUS DEL ZIKA Y
USOS DE LOS MISMOS

Detalle del pago

Id.	Rentístico	Concepto y Servicio	Cant.	Val. Unit.	Subtotal
1	50005-01-02	Pago unitario reivindicacion adicional patente de invencion (A partir de de undí½cima reivindicacion) (DESCUENTO INTERNET)	78	\$ 40,500	\$ 3,159,000
2	50005-01-03	N.CREACION CORRECCION SOLICITUD EN TRAMITE / MODIFICACION (LINEA)	1	\$ 161,500	\$ 161,500
TOTAL					\$ 3,320,500