



SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT: 800.176.089-2

COMPROBANTE DE RECAUDO SISTEMA SIPI

Radicado: NC2017/0005538

Recibo: 17-80461

Fecha: 05/10/2017

MARGARITA CASTELLANOS ABONDANO

CC: 39.779.654

Pago PSE No: 118001

CUS: 286290379

Patente PCT

RECEPTORES QUIMERICOS DE ANTÍGENO ANTI?CLDN Y MÉTODOS DE USO

Detalle del pago

Id.	Rentístico	Concepto y Servicio	Cant.	Val. Unit.	Subtotal
1	50005-01-03	N.CREACION CORRECCION SOLICITUD EN TRAMITE / MODIFICACION (LINEA)	1	\$ 147,000	\$ 147,000
TOTAL					\$ 147,000

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

Web: www.sic.gov.co e-mail: contactenos@sic.gov.co Conmutador: (571)5870000 Contact Center: (571)5920400

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Stemcentrx, Inc

<120> RECEPTORES QUIMERICOS DE ANTÍGENO ANTI-CLDN Y MÉTODOS DE USO

<130> sc2701C002 // S69697 1270C0

<140> NC2017/0005538

<141> 2017-06-02

<150> PCT/US2014/064165

<151> 2014-11-05

<150> 62/247,108

<151> 2015-10-27

<150> 62/157,928

<151> 2015-05-06

<150> 62/247,108

<151> 2015-10-27

<160> 178

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> Proteína de región constante de cadena liviana Kappa (LC)

<400> 1

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
1 5 10 15

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
20 25 30

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
35 40 45

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
50 55 60

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
65 70 75 80

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
85 90 95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
100 105

<210> 2
<211> 329
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Proteína de región constante de cadena pesada (HC) IgGI

<400> 2

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
325

<210> 3
<211> 15
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Proteína ligadora scFv

<400> 3

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 1 5 10 15

<210> 4
 <211> 747
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> hSC27.108 scFv

<400> 4
 gaaatcgtgc ttacacaatc cctgccact ctgagccttt ctccaggcga gcgagcaacc 60
 ctttcctgca gtgtttcctc ttcaatcagt tccagcaatt tgcactggta ccagcagaag 120
 cctggtcagg caccocgatt gttgatctat ggcacatcta acctggccag cggcatccct 180
 gctcggttca gtggatctgg ctccggaaca gatttcactc tcactatcag ctcccttgag 240
 cctgaagatt ttgccgtgta ctactgtcag caatggagtt cctaccccca cacctttggc 300
 ggcgggacaa aggtcgagat aaaaggcggc ggaggatctg gcggaggcgg aagtggcgga 360
 gggggatctc aggtacagct ggtccagtcc ggcgctgagg ttaagaagcc cggtgcctcc 420
 gtgaaggat cttgtaaggc ctccaggttac acctttacaa attatctgat cgaatgggtg 480
 agacaggccc caggtcaggg tctggaatgg atgggactca tcaaccctgg gagtggcggg 540
 accaactaca acgaaaagtt taaggggaga gtgacaatga ccacagatac cagtacctcc 600
 accgcatata tggagctgcg aagcttgagg tccgatgaca ctgctgtgta ctattgcgcc 660
 cgtagaagcc cactcgggtc ttggatctat tacgcatacg atgggtgtggc ctattggggc 720
 cagggcaccc tggtgacagt ctccctcg 747

<210> 5
 <211> 249
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> hSC27.108 scFv

<400> 5

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser
 20 25 30

Asn Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Tyr Pro
85 90 95

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

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val
115 120 125

Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser
130 135 140

Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Leu Ile Glu Trp Val
145 150 155 160

Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly Leu Ile Asn Pro
165 170 175

Gly Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Gly Arg Val Thr
180 185 190

Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu Leu Arg Ser
195 200 205

Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Arg Ser Pro
210 215 220

Leu Gly Ser Trp Ile Tyr Tyr Ala Tyr Asp Gly Val Ala Tyr Trp Gly
225 230 235 240

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245

<210> 6
<211> 702

<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204v2 scFv

<400> 6
gacatccaga tgacccagtc cccctccagc ctgtctgctt ccgtgggcga cagagtgacc 60
atcacatgca aggccggcca gaacgtgggc acctctgtgg cctgggtcca gcagaagcct 120
ggcaaggccc ccaagtcctt gatctactcc gcctcctaca gatactccgg cgtgccctcc 180
agattctccg gctctggctc tggcaccgac ttaccctga ccatcagctc cctgcagccc 240
gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag tacatcacct acccctacac cttcggcgga 300
ggcaccaagg tggaaatcaa gggcggcgga ggatctggcg gaggcggaag tggcggaggg 360
ggatctgaag tgcagctgct ggaatctggc ggcggactgg tgcagcctgg cggatctctg 420
agactgtctt gtgccgcctc cggcttcacc ttctcccggg actggatgtc ctgggtgcga 480
caggctcctg gcaagggcct ggaatgggtg tccgagatca accccgactc ctccaccatc 540
cagtacacc ccagcctgaa ggcccgggtc accatctctc gggacaactc caagaacacc 600
ctgtacctgc agatgaactc cctgcggggc gaggaacccg ccgtgtacta ctgtaccggc 660
cctgcttatt ggggccaggg caccctcgtg accgtgtcct ct 702

<210> 7
<211> 234
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204v2 scFv

<400> 7

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Gly Gln Asn Val Gly Thr Ser
20 25 30

Val Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ile Thr Tyr Pro Tyr
85 90 95

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

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Leu Glu
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
130 135 140

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Trp Met Ser Trp Val Arg
145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Glu Ile Asn Pro Asp
165 170 175

Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu Lys Ala Arg Phe Thr Ile
180 185 190

Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu
195 200 205

Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Thr Gly Pro Ala Tyr Trp
210 215 220

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
225 230

<210> 8
<211> 1482
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> SCT1-h27.108 scFv

<400> 8
atggccctgc ctgtgacagc cctgctgctg cctctggctc tgctgctgca tgcggcgcgc 60
cccgaatcg tgcttacaca atcccctgcc actctgagcc tttctccagg cgagcgagca 120
accctttcct gcagtgtttc ctcttcaatc agttccagca atttgactg gtaccagcag 180

```

aagcctggtc aggcaccccg attgttgatc tatggcacat ctaacctggc cagcggcatc 240
cctgctcggc tcagtggatc tggctccgga acagatttca ctctactat cagctccctt 300
gagcctgaag attttgccgt gtactactgt cagcaatgga gttcctaccc ccacaccttt 360
ggcggcggga caaaggctga gataaaaggc ggcggaggat ctggcggagg cggaagtggc 420
ggagggggat ctcagggtaca gctgggtccag tccggcgctg aggttaagaa gcccggtgcc 480
tccgtgaagg tatcttgtaa ggcctcaggt tacaccttta caaattatct gatcgaatgg 540
gtgagacagg cccaggtca ggtcttgaa tggatgggac tcatcaaccc tgggagtggc 600
gggaccaact acaacgaaaa gttaagggg agagtgacaa tgaccacaga taccagtacc 660
tccaccgcat atatggagct gcgaagcttg aggtccgatg aactgctgt gtactattgc 720
gcccgtagaa gccactcgg gtcttgatc tattacgat acgatggtgt ggcctattgg 780
ggccagggca ccctggtgac agtctcctcg accacaaccc ctgccccag acctctaca 840
ccgccccta caattgccag ccagcctctg tctctgagc ccgaggctg tagaccagct 900
gctggcggag ccgtgcacac cagaggactg gatttcgcct gcgacatcta catctgggcc 960
cctctggccg gcacatgtgg cgtgctgctg ctgagcctcg tgatcacct gtactgcaag 1020
cggggcagaa agaaactgct gtacatcttt aagcagccct tcatgcggcc cgtgcagacc 1080
accaggaag aggacggctg ctctgcaga ttccccgagg aagaagaagg cggctgcgag 1140
ctgagagtga agttcagcag atccgccgac gccctgcct acaagcaggg ccagaaccag 1200
ctgtacaacg agctgaacct ggcagacgg gaagagtacg acgtgctgga caagcggaga 1260
ggccgggatc ctgaaatggg cggcaagccc agacggaaga acccccagga aggcctgtat 1320
aacgaactgc agaaagacaa gatggccgag gcctacagcg agatcggaat gaagggcgag 1380
cggagaagag gcaagggcca cgatggcctg taccagggcc tgagcaccgc caccaaggac 1440
acctatgacg ccctgcacat gcaggccctg ccacctagat ga 1482

```

```

<210> 9
<211> 493
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> SCT1-h27.108 scFv

```

```

<400> 9

```

```

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu
1          5          10          15

```

His	Ala	Ala	Arg	Pro	Glu	Ile	Val	Leu	Thr	Gln	Ser	Pro	Ala	Thr	Leu			
			20					25					30					
Ser	Leu	Ser	Pro	Gly	Glu	Arg	Ala	Thr	Leu	Ser	Cys	Ser	Val	Ser	Ser			
		35					40				45							
Ser	Ile	Ser	Ser	Ser	Asn	Leu	His	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Gln			
	50					55				60								
Ala	Pro	Arg	Leu	Leu	Ile	Tyr	Gly	Thr	Ser	Asn	Leu	Ala	Ser	Gly	Ile			
65					70					75					80			
Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr			
			85						90					95				
Ile	Ser	Ser	Leu	Glu	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln			
			100					105					110					
Trp	Ser	Ser	Tyr	Pro	His	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Val	Glu	Ile			
		115					120					125						
Lys	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser			
	130					135					140							
Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala			
145					150					155					160			
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Asn	Tyr			
			165						170					175				
Leu	Ile	Glu	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met			
			180				185						190					
Gly	Leu	Ile	Asn	Pro	Gly	Ser	Gly	Gly	Thr	Asn	Tyr	Asn	Glu	Lys	Phe			
	195						200				205							
Lys	Gly	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Thr	Asp	Thr	Ser	Thr	Ser	Thr	Ala	Tyr			
	210					215					220							
Met	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Arg	Ser	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys			
225					230					235					240			

Ala Arg Arg Ser Pro Leu Gly Ser Trp Ile Tyr Tyr Ala Tyr Asp Gly
245 250 255

Val Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Thr Thr
260 265 270

Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile Ala Ser Gln
275 280 285

Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala Gly Gly Ala
290 295 300

Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr Ile Trp Ala
305 310 315 320

Pro Leu Ala Gly Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu Val Ile Thr
325 330 335

Leu Tyr Cys Lys Arg Gly Arg Lys Lys Leu Leu Tyr Ile Phe Lys Gln
340 345 350

Pro Phe Met Arg Pro Val Gln Thr Thr Gln Glu Glu Asp Gly Cys Ser
355 360 365

Cys Arg Phe Pro Glu Glu Glu Glu Gly Gly Cys Glu Leu Arg Val Lys
370 375 380

Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Lys Gln Gly Gln Asn Gln
385 390 395 400

Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr Asp Val Leu
405 410 415

Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys Pro Arg Arg
420 425 430

Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys Asp Lys Met
435 440 445

Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg Arg Arg Gly
450 455 460

Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala Thr Lys Asp
465 470 475 480

Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg
485 490

<210> 10
<211> 1443
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> SCT1-h27.204v2

<400> 10
atggccctgc ctgtgacagc cctgctgctg cctctggctc tgctgctgca tgcggcgcg 60
cccgacatcc agatgaccca gtccccctcc agcctgtctg ctcccgtagg cgacagagtg 120
accatcacat gcaaggccgg ccagaactgt ggcacctctg tggcctgggt ccagcagaag 180
cctggcaagg cccccaagtc cctgatctac tccgcctcct acagatactc cggcgtgccc 240
tccagattct ccggctcttg ctctggcacc gactttaccc tgaccatcag ctccctgcag 300
cccgaggact tcgccaccta ctactgccag cagtacatca cctacccta caccttcggc 360
ggaggcacca aggtggaaat caagggcggc ggaggatctg gcggaggcgg aagtggcgga 420
gggggatctg aagtgcagct gctggaatct ggcggcggac tgggtgcagc tggcggtatct 480
ctgagactgt cttgtgccgc ctccggcttc accttctccc ggtactggat gtcctgggtg 540
cgacaggctc ctggcaaggg cctggaatgg gtgtccgaga tcaacccga ctctccacc 600
atccagtaca ccccgagcct gaagggccgg ttcacatct ctccgggaca ctccaagaac 660
accctgtacc tgcagatgaa ctccctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtacc 720
ggccctgctt attggggcca gggcaccctc gtgaccgtgt cctcttcctc gaccacaacc 780
cctgccccca gacctctac acccgccctt acaattgcca gccagcctct gtctctgagg 840
cccaggctt gtagaccagc tgctggcgga gccgtgcaca ccagaggact ggatttcgcc 900
tgcgacatct acatctgggc ccctctggcc ggcacatgtg gcgtgctgct gctgagcctc 960
gtgatcacc tgtactgcaa gcggggcaga aagaaactgc tgtacatctt taagcagccc 1020
ttcatgcggc ccgtgcagac caccaggaa gaggacggct gctcctgcag attccccgag 1080
gaagaagaag gcggctgcga gctgagagtg aagttcagca gatccgccga cggccctgcc 1140
tacaagcagg gccagaacca gctgtacaac gagctgaacc tgggcagacg ggaagagtac 1200
gacgtgctgg acaagcggag aggccgggat cctgaaatgg gcggcaagcc cagacggaag 1260
aacccccagg aaggcctgta taacgaactg cagaaagaca agatggccga ggcctacagc 1320

gagatcggaa tgaagggcga gcggagaaga ggcaagggcc acgatggcct gtaccagggc 1380
 ctgagcaccg ccaccaagga cacctatgac gccctgcaca tgcaggccct gccacctaga 1440
 tga 1443

<210> 11
 <211> 480
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> SCT1-h27.204v2

<400> 11

Met Ala Leu Pro Val Thr Ala Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Leu Leu
 1 5 10 15

His Ala Ala Arg Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu
 20 25 30

Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Gly Gln
 35 40 45

Asn Val Gly Thr Ser Val Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala
 50 55 60

Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro
 65 70 75 80

Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile
 85 90 95

Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr
 100 105 110

Ile Thr Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
 130 135 140

Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
 145 150 155 160

Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Trp
165 170 175

Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser
180 185 190

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu Lys
195 200 205

Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu
210 215 220

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Thr
225 230 235 240

Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser
245 250 255

Ser Thr Thr Thr Pro Ala Pro Arg Pro Pro Thr Pro Ala Pro Thr Ile
260 265 270

Ala Ser Gln Pro Leu Ser Leu Arg Pro Glu Ala Cys Arg Pro Ala Ala
275 280 285

Gly Gly Ala Val His Thr Arg Gly Leu Asp Phe Ala Cys Asp Ile Tyr
290 295 300

Ile Trp Ala Pro Leu Ala Gly Thr Cys Gly Val Leu Leu Leu Ser Leu
305 310 315 320

Val Ile Thr Leu Tyr Cys Lys Arg Gly Arg Lys Lys Leu Leu Tyr Ile
325 330 335

Phe Lys Gln Pro Phe Met Arg Pro Val Gln Thr Thr Gln Glu Glu Asp
340 345 350

Gly Cys Ser Cys Arg Phe Pro Glu Glu Glu Gly Gly Cys Glu Leu
355 360 365

Arg Val Lys Phe Ser Arg Ser Ala Asp Ala Pro Ala Tyr Lys Gln Gly
370 375 380

Gln Asn Gln Leu Tyr Asn Glu Leu Asn Leu Gly Arg Arg Glu Glu Tyr
385 390 395 400

Asp Val Leu Asp Lys Arg Arg Gly Arg Asp Pro Glu Met Gly Gly Lys
405 410 415

Pro Arg Arg Lys Asn Pro Gln Glu Gly Leu Tyr Asn Glu Leu Gln Lys
420 425 430

Asp Lys Met Ala Glu Ala Tyr Ser Glu Ile Gly Met Lys Gly Glu Arg
435 440 445

Arg Arg Gly Lys Gly His Asp Gly Leu Tyr Gln Gly Leu Ser Thr Ala
450 455 460

Thr Lys Asp Thr Tyr Asp Ala Leu His Met Gln Ala Leu Pro Pro Arg
465 470 475 480

<210> 12
<400> 12
000

<210> 13
<400> 13
000

<210> 14
<400> 14
000

<210> 15
<400> 15
000

<210> 16
<400> 16
000

<210> 17
<400> 17
000

<210> 18
<400> 18
000

<210> 19
<400> 19
000

<210> 20

<211> 321
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena liviana SC27.1

<400> 20
gacatccaga tgacacaatc ttcacacctcc ttttctgtat ctctaggaga cagagtcacc 60
attacttgca aggcaagtga agacatatat aatcggttag cctggatatca gcagaaacca 120
ggaaatgctc ccaggctctt aatatctggt gcaaccagtt tggaaactgg gactccttca 180
agattcagtg gcagtggatc tggaaaggat tacactctca gtattaccag tcttcggact 240
gaagatgctg ctacttatta ctgtcaacaa tattggagta ctccactcac gttcgggtact 300
gggaccaagc tggagctgaa a 321

<210> 21
<211> 107
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.1

<400> 21

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Ser Ser Phe Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Asn Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Thr Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Thr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105

<210> 22
<211> 357
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena pesada SC27.1

<400> 22
gaggtccagc tgcaagagtc tagacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata 60
tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacct tgcactgggt gaagcagagt 120
catggaaaga gccttgagtg gattggaggt attaatccta acaatggtga tactatctac 180
aaccagaaat tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca agtcctccag cacagcctac 240
atggagctcc gcagcctgac atctgaatat tctgcagtct attactgtgc aagaagggcg 300
attacggtct atgctatgga ctactggggt caaggtaacct cagtcaccgt ctcctca 357

<210> 23
<211> 119
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena pesada SC27.1

<400> 23

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Arg Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Leu His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asp Thr Ile Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65		70		75		80									
Met	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Thr	Ser	Glu	Tyr	Ser	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	

Ala	Arg	Arg	Ala	Ile	Thr	Val	Tyr	Ala	Met	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly
			100					105					110		

Thr	Ser	Val	Thr	Val	Ser	Ser
			115			

<210> 24
 <211> 333
 <212> ADN
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Región variable de cadena liviana SC27.22

<400> 24	
gacattgtgc tgacacagtc tcctgcttcc ttagctgtat ctctggggca gagggccacc	60
atctcatgca gggccagcca gactgtcagt acatctagct atagttatat gcactgggtc	120
caacagaaac caggacagcc acccaaactc ctcacaaagt ttgcatccaa cgtagaatct	180
ggggtccctg ccagattcag tggcagtggt tctgggacag acttcaccct caacatccat	240
cctgtggagg aggaggatat ttcaacatat tactgtcagc acagttggga gattccgtgg	300
acgttcggtg gaggcaccaa gctggaaatc aaa	333

<210> 25
 <211> 111
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> Región variable de cadena liviana SC27.22

<400> 25

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

Gln	Arg	Ala	Thr	Ile	Ser	Cys	Arg	Ala	Ser	Gln	Thr	Val	Ser	Thr	Ser
			20					25					30		

Ser Tyr Ser Tyr Met His Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45

Lys Leu Leu Ile Lys Phe Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50 55 60

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

Pro Val Glu Glu Glu Asp Ile Ser Thr Tyr Tyr Cys Gln His Ser Trp
 85 90 95

Glu Ile Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 26
 <211> 366
 <212> ADN
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Región variable de cadena pesada SC27.22

<400> 26
 caggtccaac tgcagcagcc tggggctgag ctggtgaggc ctggagcttc agtgaagctg 60
 tcctgcaagg cttctggcta caccttcacc agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120
 cctggacaag gccttgaatg gattgccatg attcatcctt ccgatagtga aattaggtta 180
 aatcagaagt tcaaggacaa ggccacattg actgtagaca gatcctccag cacagcctac 240
 atgcaactca gcagcccgac atctgaggac tctgcggtct attactgtgc aagaattgat 300
 agttattatg gttacctgtt ttactttgac tactggggcc aaggcaccac tctcacagtc 360
 tcctca 366

<210> 27
 <211> 122
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> Región variable de cadena pesada SC27.22

<400> 27

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Ala Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Arg Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Gln Leu Ser Ser Pro Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 28
 <211> 324
 <212> ADN
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Región variable de cadena liviana SC27.103

<400> 28
 caaatgttc tcacccagtc tccagcaatc atgtctgcat ctctagggga acgggtcacc 60
 atgacctgca ctgccagctc aagtgttaagt tccagttact tgcactggta ccagcagaag 120
 ccaggatcct cccccacact ctggatttat aggacatccg acctggcttc tggagtccca 180
 gctcgcttca gtggcagtgg atctgggacc tcttactctc tcacaatcag cagcatggag 240
 gctgaagatg ctgccactta ttactgccac cagtatcatc gttccccgtg gacgttcggt 300
 ggaggcacca ggctggaaat caaa 324

<210> 29

<211> 108
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.103

<400> 29

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

Glu Arg Val Thr Met Thr Cys Thr Ala Ser Ser Ser Val Ser Ser
20 25 30

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

Ile Tyr Arg Thr Ser Asp Leu Ala Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Met Glu
65 70 75 80

Ala Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys His Gln Tyr His Arg Ser Pro
85 90 95

Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 30
<211> 354
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena pesada SC27.103

<400> 30

gaggtccacc tgcaacagtc tggacctgag ctagtgaagc ctggagggttc aatgaagata 60

tcctgcaagg cttctggtta ctattcact ggctacacca tgaactgggt gaagcagagc 120

catggaaaga accttgagtg gattggactt tttaatcctt acaatgggtg tactagttat 180

aaccagaagt tcaagggcaa ggccacatta actgtagaca agtcatccag cacagcctac 240

atggagctcc tcagttctgac atctgaggac tctgcagttc attactgtgc aagatgctat 300

aggtacgacg gtcttgacta ctggggccaa ggcaccactc tcacagtctc ctca 354

<210> 31
<211> 118
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena pesada SC27.103

<400> 31

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

Ser Met Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Tyr
20 25 30

Thr Met Asn Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Asn Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Leu Phe Asn Pro Tyr Asn Gly Gly Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Cys Tyr Arg Tyr Asp Gly Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Thr Leu Thr Val Ser Ser
115

<210> 32
<211> 321
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena liviana SC27.104

```

<400> 32
gacatccaga tgacacaatc ttcacacctcc ttttctgtat ctctaggaga cagagtcacc      60
attacttgca aggcaagtga ggacatatat aatcggttag cctgggatca gcagaaacca      120
ggaaatgctc ccaggctctt aatatctggt gcaaccagtt tggaaactgg gggttccttca      180
agattcagtg gcagtggatc tggaaaggat tacactctca gcattaccag tcttcagact      240
gaagatgttg ctacttatta ctgtcaacag tattggagta atcctccgac gttcgggtgga      300
ggcaccaagc tggaaatcaa a                                              321

```

```

<210> 33
<211> 107
<212> PRT
<213> Mus musculus

```

```

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.104

```

```

<400> 33

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Ser Ser Ser Phe Ser Val Ser Leu Gly
1              5              10              15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
              20              25              30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Asn Ala Pro Arg Leu Leu Ile
              35              40              45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
              50              55              60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Ser Ile Thr Ser Leu Gln Thr
65              70              75              80

Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Asn Pro Pro
              85              90              95

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

```

```

<210> 34
<211> 354
<212> ADN

```

<213> Mus musculus

<220>

<221> misc_feature

<223> Región variable de cadena pesada SC27.104

<400> 34

```
gagggtccagc tgcaacagtc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata      60
tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacaccg tgcactgggt gaagcagagc      120
catggaaaga gccttgagtg gattggaggt gtttatccta agaatggtga tactacctac      180
aaccagaagt tcaggggcaa ggccacattg actgtagaca agtcctccaa cacagcctat      240
atggaactcc gcagcctgac atctgaggat tctgcagtct attactgtac aggaaaggat      300
gggtacgacg ggtttgctta ctggggccaa gggactctgg tcactgtctc tgca          354
```

<210> 35

<211> 118

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> Región variable de cadena pesada SC27.104

<400> 35

```
Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1              5              10              15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20              25              30

Thr Val His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35              40              45

Gly Gly Val Tyr Pro Lys Asn Gly Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50              55              60

Arg Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
65              70              75              80

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

Thr Gly Lys Asp Gly Tyr Asp Gly Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
```

100

105

110

Leu Val Thr Val Ser Ala

115

<210> 36

<211> 318

<212> ADN

<213> Mus musculus

<220>

<221> misc_feature

<223> Región variable de cadena liviana SC27.105

<400> 36

gatgttcaaa tgaccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctttgggaga gagagtctcc 60

ctgacttgcc aggcaagtca gagtgttagc aataatttaa actggatatca gcaaacacca 120

gggaaagctc ctaggctctt gatctatggt gcaagcaaat tggaagatgg ggtctcttca 180

aggttcagtg gactggata tgggacagat ttcactttca ccatcagcag cctggaggaa 240

gaagatgtgg caacttattt ttgtctacag cataggtatc tgtggacgtt cggaggaggc 300

accaagctgg aaatcaaa 318

<210> 37

<211> 106

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> Región variable de cadena liviana SC27.105

<400> 37

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

1 5 10 15

Glu Arg Val Ser Leu Thr Cys Gln Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Lys Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Lys Leu Glu Asp Gly Val Ser Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Thr Gly Tyr Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Glu
65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Thr Tyr Phe Cys Leu Gln His Arg Tyr Leu Trp Thr
85 90 95

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

<210> 38
<211> 369
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena pesada SC27.105

<400> 38
gaggtccagc tgcagcagtc tggacctgag ttggtgaagc ctggggccttc agtgaagata 60
tcctgcaagg cttctggtta ctcatctact ggctactaca tgaactgggt gaagcaaagt 120
cctgaaaaga gccttgagtg gattggagag attaataccta gcaactggtag tactacttac 180
aaccagaagt tcaaggccaa ggccacattg actgtagaca aatcctccag cacagcctac 240
atgcagctca agagcctgac atctgaggac tctgcagtct attactgtgc aagaagggat 300
tattactacg gtagtggttt ctatgctatg gactactggg gtcaaggaac ctcagtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 39
<211> 123
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena pesada SC27.105

<400> 39

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Tyr
20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Lys Gln Ser Pro Glu Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Thr Gly Ser Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Ala Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Arg Asp Tyr Tyr Tyr Gly Ser Gly Phe Tyr Ala Met Asp Tyr
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 40
<211> 321
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena liviana SC27.106

<400> 40
gacatccaga tgacacaatc ttcacacctcc ttttctgtat ctctaggaga cagagtcacc 60
attacttgca aggcaagtga ggacatatat aatcggttag cctgggtatca gcagaaacca 120
ggaaatgctc ctaggctctt aatatgtggt gcaaccagtt tggaaactgg gggttccttca 180
agattcagtg gcagtggtatc tggaaaggat tacactctca gcattaccag tcttcagact 240
gaagatgttg ctacttatta ctgtcaacag tattggagta ctccgctcac gtccggtgct 300
gggaccaaac tggagctgaa a 321

<210> 41
<211> 107
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.106

<400> 41

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Ser Ser Ser Phe Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Asn Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Cys Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Ser Ile Thr Ser Leu Gln Thr
65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Thr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105

<210> 42

<211> 357

<212> ADN

<213> Mus musculus

<220>

<221> misc_feature

<223> Región variable de cadena pesada SC27.106

<400> 42

gaggtccagc tgcaacagtc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata	60
tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tgcactgggt gaagcagagc	120
catggaaaga gccttgagtg gattggaggt attaadccta acaatggtgg tactaactac	180
aaccagaagt tcaagggcaa ggccacattg actgttgaca agtcctccag cacagcctac	240
atggagctcc gcagcctgac atctgaggat tctgcagtct attactgtgc aagaaggctt	300
attacttact atgctatgga ctactggggt caaggaacct cagtcaccgt ctcctca	357

<210> 43

<211> 119

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> Región variable de cadena pesada SC27.106

<400> 43

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Arg Leu Ile Thr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 44

<211> 324

<212> ADN

<213> Mus musculus

<220>

<221> misc_feature

<223> Región variable de cadena liviana SC27.108

<400> 44

gaaattgtgc tcaccagtc tccagcactc atggctgcat ctccagggga gaaggtcacc 60

atcacctgca gtgtcagctc aagtataagt tccagcaact tgcactggta ccagcagaag 120

tcaggaacct cccccaaact ctggatttat ggcacatcca acctggcttc tggagtcacct 180

```

gttcgcttca gtggcagtgg atctgggacc tcttattctc tcacaatcag caacatggag      240
gctgaagatg ctgccactta ttactgtcaa cagtggagta gttacccaca cacgttcgga      300
ggggggacca agctggaaat aaaa                                             324

```

```

<210> 45
<211> 108
<212> PRT
<213> Mus musculus

```

```

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.108

```

```

<400> 45

```

```

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

```

```

Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser
          20             25             30

```

```

Asn Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Leu Trp
          35             40             45

```

```

Ile Tyr Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Val Arg Phe Ser
          50             55             60

```

```

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Met Glu
65             70             75             80

```

```

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

```

```

His Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
          100            105

```

```

<210> 46
<211> 378
<212> ADN
<213> Mus musculus

```

```

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena pesada SC27.108

```

```

<400> 46

```

```

caggtc meta tgcagcagtc tggagctgag ctggtaaggc ctgggacttc agtgaagggtg      60
tcctgcaagg cttctggata cgccttcact aattacttga tagagtgggt aaagcagagg      120
cctggacagg gccttgagtg gattggactg attaatcctg gaagtgggtg tactaattac      180
aatgagaagt tcaagggcaa ggcaacctg actgcagaca aatcctccac cactgcctac      240
atgcagctca gcagcctgac atctgatgac tctgcggttt atttctgtgc aagacgggtcc      300
cctctagggg gttggatcta ctatgcttac gacgggtgtg cttactgggg ccaagggact      360
ctggtcactg tctctgca                                     378

```

```

<210> 47
<211> 126
<212> PRT
<213> Mus musculus

```

```

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena pesada SC27.108

```

```

<400> 47

```

```

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

```

```

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn Tyr
          20              25              30

```

```

Leu Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
          35              40              45

```

```

Gly Leu Ile Asn Pro Gly Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
          50              55              60

```

```

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr
65              70              75              80

```

```

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
          85              90              95

```

```

Ala Arg Arg Ser Pro Leu Gly Ser Trp Ile Tyr Tyr Ala Tyr Asp Gly
          100              105              110

```

```

Val Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala
          115              120              125

```

<210> 48
<211> 321
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena liviana SC27.201

<400> 48
gacatccaga tgacacaatc ttcatacctcc ttttctgtct ctctgggaga cagagtcact 60
attacttgca aggcaagtga ggacatctat aatcggttag cctgggatca acagaaacca 120
ggaaatgctc ctaggctctt aatatctggt gcaaccagtt tggaagctgg gggttccttca 180
ggattcagtg gcagtggatc tggaaaggat tacactctca gcattaccag tcttcagact 240
gaagatgttg ctacttatta ctgtcaacag tattggagta ctctccgac gttcgggtgga 300
ggcaccaagc tggaactcaa g 321

<210> 49
<211> 107
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.201

<400> 49

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Ser Ser Phe Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Asn Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Ala Gly Val Pro Ser Gly Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Ser Ile Thr Ser Leu Gln Thr
65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Thr Pro Pro

85

90

95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105

<210> 50
<211> 360
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena pesada SC27.201

<400> 50
gaggtccagc tgcaacagtc tggacctgaa ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata 60
tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaaaacatca gacactgggt gaagcagagc 120
cgaggaaaga gccttgagtg gattggtact attaatccta ataatggtga gactaggtac 180
aatcagaagt tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca agtcctccag cacagcctac 240
atggagctcc gcagcctgac atctgaggat tctgcagtct attactgtac aagggggatt 300
acaaagtccc cttatggtat ggactactgg ggtcaaggaa cctcaatcac cgtctcctca 360

<210> 51
<211> 120
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena pesada SC27.201

<400> 51

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Asn
20 25 30

Ile Arg His Trp Val Lys Gln Ser Arg Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Thr Ile Asn Pro Asn Asn Gly Glu Thr Arg Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Thr Arg Gly Ile Thr Lys Ser Pro Tyr Gly Met Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Ser Ile Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 52
<211> 321
<212> ADN
<213> Mus musculus

<220>
<221> misc_feature
<223> Región variable de cadena liviana SC27.203

<400> 52
gacatccaga tgacacaatc ttcacacctcc ttttctgtat ctctaggaga cagagtcacc 60
atcacttgca aggcaagtga ggacatatat aatcggttag cctgggtatca gcagaatcca 120
ggaaatactc ctaggctctt aatgtctggt gcaaccagtt tggaaactgg gggttccttca 180
agattcagtg gcagtggatc tggaaaggat tacactctca gcattaccag tcttcagatt 240
gaagatgttt ctacttatta ctgtcaacaa tattggagta ctctccgac gttcgggtgga 300
ggcaccaggc tggaaatcaa a 321

<210> 53
<211> 107
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena liviana SC27.203

<400> 53

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Ser Ser Ser Phe Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

	20		25		30										
Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Asn	Pro	Gly	Asn	Thr	Pro	Arg	Leu	Leu	Met
	35					40						45			
Ser	Gly	Ala	Thr	Ser	Leu	Glu	Thr	Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly
	50					55						60			
Ser	Gly	Ser	Gly	Lys	Asp	Tyr	Thr	Leu	Ser	Ile	Thr	Ser	Leu	Gln	Ile
65				70						75				80	
Glu	Asp	Val	Ser	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	Tyr	Trp	Ser	Thr	Pro	Pro
			85					90						95	
Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Arg	Leu	Glu	Ile	Lys					
		100					105								

<210> 54
 <211> 360
 <212> ADN
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Región variable de cadena pesada SC27.203

<400> 54	
gaggtccagc tgcaacagtc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata	60
tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaaaacatca tacactgggt gaagcagagc	120
catggaaaga gccttgagtg gattggaggt attaatccta tcaatggtgg tactagctac	180
aaccagaagt tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca agtcctccag cacagcctac	240
atggagctcc gtagcctgac atctgaggat tctgcagtct attactgtgc aagggggatt	300
actacgtccc cttatgctat ggactactgg ggtcaaggaa cctcagtcac cgtctcctca	360

<210> 55
 <211> 120
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> Región variable de cadena pesada SC27.203

<400> 55

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Asn
 20 25 30

Ile Ile His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Ile Asn Gly Gly Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Ile Thr Thr Ser Pro Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110

Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 56
 <211> 321
 <212> ADN
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Región variable de cadena liviana SC27.204

<400> 56
 gacattgtga tgaccagtc tcaaaaattc atgtccacat cagtaggaga cagggtcagc 60
 gtcgcctgca aggccggtca gaatgtgggt actagtgtag cctggtatca acagaaacca 120
 ggacattctc ctaaatcact gatttactcg gcatcctacc ggtacagtgg agtcacctaat 180
 cgcttcacag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcaa tgtgcagtct 240
 gaagacttgg cagactatct ctgtcagcaa tatatcacct atccgtacac gttcggaggg 300
 gggaccaagc tggaaataat a 321

<210> 57

<211> 107
 <212> PRT
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> Región variable de cadena liviana SC27.204

<400> 57

Asp	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Ser	Gln	Lys	Phe	Met	Ser	Thr	Ser	Val	Gly
1				5					10					15	

Asp	Arg	Val	Ser	Val	Ala	Cys	Lys	Ala	Gly	Gln	Asn	Val	Gly	Thr	Ser
			20					25					30		

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

Tyr	Ser	Ala	Ser	Tyr	Arg	Tyr	Ser	Gly	Val	Pro	Asn	Arg	Phe	Thr	Gly
	50					55					60				

Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	Ile	Ser	Asn	Val	Gln	Ser
65					70					75				80	

Glu	Asp	Leu	Ala	Asp	Tyr	Phe	Cys	Gln	Gln	Tyr	Ile	Thr	Tyr	Pro	Tyr
				85					90					95	

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

<210> 58
 <211> 336
 <212> ADN
 <213> Mus musculus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Región variable de cadena pesada SC27.204

<400> 58

gaggtgaagg ttctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc	60
tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatactgga tgagttgggt ccggcaggct	120
ccagggaaaag gcctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat	180
acgccatctc taaaggctaa attcatcatc tccagagaca acgcaaaaa tacgctgtac	240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtac aggaccagct 300

tactgggggcc aagggactct ggtcactgtc tctgca 336

<210> 59
<211> 112
<212> PRT
<213> Mus musculus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> Región variable de cadena pesada SC27.204

<400> 59

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

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr
20 25 30

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

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala
100 105 110

<210> 60
<211> 321
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena liviana hSC27.1

<400> 60

gacatccaga tgaccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgta aggcgagtga ggatatttac aaccggttag cctggatatca gcagaaacca 120

```

gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcaaccagtt tggaaactgg ggtcccatca      180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat tacactctca ccatcagcag cctgcagcct      240
gaagattttg caacttacta ttgtcaacag tattggagta ctccactcac gttcgggtcaa      300
gggaccaagc tggagattaa a                                              321

```

```

<210> 61
<211> 107
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena liviana hSC27.1

```

```

<400> 61

```

```

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1           5           10           15

```

```

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
          20           25           30

```

```

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
          35           40           45

```

```

Tyr Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
          50           55           60

```

```

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65           70           75           80

```

```

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Thr Pro Leu
          85           90           95

```

```

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
          100          105

```

```

<210> 62
<211> 357
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.1

```

```

<400> 62

```

```

caggtccagc ttgtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt      60

```


<220>

<223> Región variable de cadena liviana hSC27.22

<400> 64

```
gacattgtca tgaccagtc ccctgacagt ttggccgtta gcttggggga gcgtgccacc      60
atcaactgta gggctagtca aactgtttct acatcctcct actcttacat gcattggtat      120
cagcagaaac ctggtcagcc tccaaaactg ctgatttatt tcgcatctaa cgtcgagtcc      180
ggagttcctg accggttcag cggatcagga agcggtacag attttacact taccatctca      240
tctctgcaag cagaagatgt ggccgtgtac tattgtcagc attcctggga gatcccctgg      300
accttcgggc aggaaccaa gctcgagatt aaa                                    333
```

<210> 65

<211> 111

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena liviana hSC27.22

<400> 65

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1           5           10          15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Arg Ala Ser Gln Thr Val Ser Thr Ser
          20           25           30

Ser Tyr Ser Tyr Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
          35           40           45

Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Asp
          50           55           60

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

Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln His Ser Trp
          85           90           95

Glu Ile Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
          100          105          110
```

<210> 66

<211> 366

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.22

<400> 66

```
cagggtgcagt tgggtgcagag cggcgccgaa gtcaagaaac caggagcttc tgtcaaagtc      60
tcctgtaaag cctccggata taccttcacc agctactgga tgaattgggt aagacaggcc      120
cccggacaga ggcttgagtg gatgggaatg atccatccct ctgacagcga gattcggctc      180
aaccagaagt ttaaagaccg agtgactatc acacgcgata ccagtgctag cacagcctac      240
atggagttga gttctcttcg tagcgaggac actgccgtgt attattgcgc ccgcatcgac      300
tcatattatg gttatctgtt ctacttcgac tattggggcc aggggaccac cgtgactgtg      360
tcttcc                                           366
```

<210> 67

<211> 122

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.22

<400> 67

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1              5              10             15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
          20             25             30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
          50             55             60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65              70              75             80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
          100             105            110
```

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 68
 <211> 324
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena liviana hSC27.108

<400> 68
 gaaatcgtgc ttacacaatc ccctgccact ctgagccttt ctccaggcga gcgagcaacc 60
 ctttcctgca gtgtttcctc ttcaatcagt tccagcaatt tgcactggta ccagcagaag 120
 cctgggtcagg caccocgatt gttgatctat ggcacatcta acctggccag cggcacccct 180
 gctcgggttca gtggatctgg ctccggaaca gatttcactc tcactatcag ctcccttgag 240
 cctgaagatt ttgccgtgta ctactgtcag caatggagtt cctaccccca cacctttggc 300
 ggcgggacaa aggtcgagat aaaa 324

<210> 69
 <211> 108
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena liviana hSC27.108

<400> 69

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser
 20 25 30

Asn Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
 35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Tyr Pro

85

90

95

His Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 70

<211> 378

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.108

<400> 70

caggtagcaggc tggtagcaggc cggtagcaggc gtagaaggc cggtagcaggc cgtgaaggta 60

tcttgaagg cctcaggta cacctttaca aattatctga tcgaatgggt gagacaggcc 120

ccaggtagcagg gtagcaggatg gatgggactc atcaaccctg ggagtagcagg gacaaactac 180

aacgaaaagt ttaaggggag agtgacaatg accacagata ccagtagcagg caccgcatat 240

atggagctgc gaagccttag gtagcaggatg actgctgtgt actattgcgc ccgtagaagg 300

ccactcgggt cttgatccta ttacgcatac gatggtagcagg cctattgggg ccaggtagcagg 360

ctggtagcagg tagcctcc 378

<210> 71

<211> 126

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.108

<400> 71

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
 20 25 30

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

Gly Leu Ile Asn Pro Gly Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65		70		75		80									
Met	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Arg	Ser	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	

Ala	Arg	Arg	Ser	Pro	Leu	Gly	Ser	Trp	Ile	Tyr	Tyr	Ala	Tyr	Asp	Gly
			100					105					110		

Val	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser
		115					120					125	

<210> 72
 <211> 321
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena liviana hSC27.204

<400> 72	
gacatccaga tgaccagtc cccctccagc ctgtctgctt ccgtgggcga cagagtgacc	60
atcacatgca aggccggcca gaacgtgggc acctctgtgg cctgggtcca gcagaagcct	120
ggcaaggccc ccaagtcct gatctactcc gcctcctaca gatactccgg cgtgccctcc	180
agattctccg gctctggctc tggcaccgac ttaccctga ccatcagctc cctgcagccc	240
gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag tacatcacct acccctacac cttcggcgga	300
ggcaccaagg tggaaatcaa g	321

<210> 73
 <211> 107
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena liviana hSC27.204

<400> 73

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

Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Lys	Ala	Gly	Gln	Asn	Val	Gly	Thr	Ser
			20					25					30		

Val	Ala	Trp	Phe	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	Ala	Pro	Lys	Ser	Leu	Ile
		35					40					45			

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ile Thr Tyr Pro Tyr
85 90 95

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

<210> 74
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204

<400> 74
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60
tcttgtgccg cctccggctt caccttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct 120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac 180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct 300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 75
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204

<400> 75

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

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

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35	40	45
Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu		
50	55	60
Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr		
65	70	75
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
85	90	95
Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser		
100	105	110

<210> 76
 <211> 324
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena liviana hSC27.108v1

<400> 76	
gaaatcgtgc tgactcagtc tcccgatttc cagtcctgca cacccaagga gaaagtcacc	60
atcacttggt ctgtctcctc aagcatctct tctagtaacc tgcactggta tcagcagaag	120
cctgatcagt cccctaagct ttggatatac ggcacctcaa acctcgctc cgagattcct	180
tcaaggtttt caggtagtgg atctggaacc gatttcaccc ttacaataaa cagtcttgag	240
gccgaggacg ccgccactta ctactgccag cagtggagtt cttaccccca cacatttggg	300
ggcggcacca aagtggagat caaa	324

<210> 77
 <211> 108
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena liviana hSC27.108v1

<400> 77

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Asp Phe Gln Ser Val Thr Pro Lys	
1	15
Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser	
20	30

Asn Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gln Ser Pro Lys Leu Trp
 35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu
 65 70 75 80

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

His Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 78
 <211> 366
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.22-VH1-8

<400> 78
 caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaaggtg 60
 tcctgcaagg cctccggcta cacctttacc agctactgga tgaactgggt gcgacaggct 120
 accggccagg gcctggaatg gatgggcatg atccaccct ccgactccga gatccggctg 180
 aaccagaaat tcaaggacag agtgaccatg acccggaaca cctccatctc caccgcctac 240
 atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc ccggatcgac 300
 tcctactacg gctacctgtt ctacttcgac tactggggcc agggcaccac cgtgaccgtg 360
 tcattct 366

<210> 79
 <211> 122
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.22-VH1-8

<400> 79

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asn Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 80
<211> 366
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.22-VH1-46

<400> 80
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ctggcgccctc cgtgaagggtg 60
tcctgcaagg cctccggcta cacctttacc agctactgga tgaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacagg gcctggaatg gatgggcatg atccaccct ccgactccga gatccggctg 180
aaccagaaat tcaaggaccg cgtgaccatg accagagaca cctccaccag caccgtgtac 240
atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc ccggatcgac 300
tcctactacg gctacctgtt ctacttcgac tactggggcc agggcaccac cgtgaccgtg 360
tcattct 366

<210> 81
<211> 122
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.22-VH1-46

<400> 81

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 82

<211> 366

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.22-VH1-69

<400> 82

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgaa gtgaagaaac ccggctcctc cgtgaaggtg 60

tcctgcaagg cttccggcgg caccttctcc agctactgga tgaactgggt gcgacaggcc 120

cctggacagg gcctggaatg gatgggcatg atccaccct ccgactccga gatccggctg 180

aaccagaaat tcaaggacag agtgaccatc accgccgacg agtccacctc caccgcctac 240

atggaactgt cctccctgcg gagcgaggac accgccgtgt actactgcgc ccggatcgac 300

tcctactacg gctacctgtt ctacttcgac tactggggcc agggcaccac cgtgaccgtg 360

<210> 83

<211> 122

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.22-VH1-69

<400> 83

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr
 20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
 50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
 100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 84

<211> 336

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v1

<400> 84

gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60

tcttgtgccg cctccggctt caccttctcc cgggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct 120

```

cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaagtac      180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac      240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct      300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct                                336

```

```

<210> 85
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v1

```

```

<400> 85

```

```

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

```

```

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

```

```

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

```

```

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu
              50              55              60

```

```

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

```

```

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

```

```

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
              100              105              110

```

```

<210> 86
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v2

```

```

<400> 86

```

```

gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg      60

```



```

gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg      60
tcttgtgccg cctccggctt caccttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct      120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac      180
aaccacagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac      240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct      300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct                                336

```

```

<210> 89
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v3

```

```

<400> 89

```

```

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

```

```

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

```

```

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

```

```

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
              50              55              60

```

```

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

```

```

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

```

```

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
              100              105              110

```

```

<210> 90
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v4

```

```

<400> 90
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg      60

tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct      120

cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac      180

acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac      240

ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct      300

tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct                                  336

```

```

<210> 91
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

```

```

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v4

```

```

<400> 91

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
          50              55              60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
          100             105             110

```

```

<210> 92
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

```

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v5

<400> 92

```
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg      60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cgg tactgga tgcctgggt gcgacaggct      120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaagtac      180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac      240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct      300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct                                336
```

<210> 93

<211> 112

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v5

<400> 93

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu
                50              55              60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
                100             105             110
```

<210> 94

<211> 336

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v6

<400> 94

```
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg      60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cgg tactgga tgcctgggt gcgacaggct      120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catccagtac      180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac      240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct      300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct                                336
```

<210> 95

<211> 112

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v6

<400> 95

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu
                50              55              60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
                100             105             110
```

<210> 96

<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v7

<400> 96

```
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg      60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cgg tactgga tgcctgggt gcgacaggct      120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac      180
aaccacagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac      240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtac cggccctgct      300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct                                336
```

<210> 97
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v7

<400> 97

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
                50              55              60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100             105             110
```

<210> 98
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v8

<400> 98
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60
tcttgtgccg cctccggctt caccttctcc cgg tactgga tgcctgggt gcgacaggct 120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac 180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct 300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 99
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v8

<400> 99
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60
Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

100

105

110

<210> 100

<211> 336

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v9

<400> 100

gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60

tcttgtgccg cctccggctt caccttctcc cggctactgga tgccttgggt gcgacaggct 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaagtac 180

acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct 300

tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 101

<211> 112

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v9

<400> 101

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu
 50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 100 105 110

<210> 102
 <211> 336
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v10

<400> 102
 gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60
 tcttgtgccg cctccggcctt caccttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct 120
 cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccocg actcctccac catccagtag 180
 acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240
 ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct 300
 tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 103
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v10

<400> 103

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu
 50 55 60

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

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

85

90

95

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 100 105 110

<210> 104

<211> 336

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v11

<400> 104

gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60

tcttgtgccg cctccggctt caccttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct 120

cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac 180

aaccacagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct 300

tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 105

<211> 112

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v11

<400> 105

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
 50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 106
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v12

<400> 106
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct 120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac 180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct 300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 107
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v12

<400> 107

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65		70		75		80									
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	

Ala	Gly	Pro	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser
			100					105					110		

<210> 108
 <211> 336
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v13

<400> 108	
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg	60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct	120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaagtac	180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac	240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct	300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct	336

<210> 109
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v13

<400> 109	
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly	
1	15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr	
20	30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val	
35	45
Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu	
50	60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 110
<211> 336
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v14

<400> 110
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg 60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct 120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catccagtac 180
acccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac 240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct 300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct 336

<210> 111
<211> 112
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v14

<400> 111

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu

50	55	60
Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr		
65	70	75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
	85	90 95
Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser		
	100	105 110

<210> 112
 <211> 336
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v15

<400> 112	
gaagtgcagc tgctggaatc tggcggcgga ctggtgcagc ctggcggatc tctgagactg	60
tcttgtgccg cctccggctt cgacttctcc cggtactgga tgtcctgggt gcgacaggct	120
cctggcaagg gcctggaatg ggtgtccgag atcaaccccg actcctccac catcaactac	180
aaccccagcc tgaaggcccg gttcaccatc tctcgggaca actccaagaa caccctgtac	240
ctgcagatga actccctgcg ggccgaggac accgccgtgt actactgtgc cggccctgct	300
tattggggcc agggcaccct cgtgaccgtg tcctct	336

<210> 113
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Región variable de cadena pesada hSC27.204v15

<400> 113

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 114

<211> 214

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena liviana hSC27.1

<400> 114

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Thr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 115
<211> 448
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.1

<400> 115

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Leu His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asp Thr Ile Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Arg Ala Ile Thr Val Tyr Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe
115 120 125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu
130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp
145 150 155 160

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu
165 170 175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser
180 185 190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro
195 200 205

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys
210 215 220

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335
 Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
 340 345 350
 Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
 355 360 365
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
 370 375 380
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
 385 390 395 400
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
 405 410 415
 Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
 420 425 430
 Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 435 440 445
 <210> 116
 <211> 218
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Cadena liviana hSC27.22
 <400> 116
 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Arg Ala Ser Gln Thr Val Ser Thr Ser
 20 25 30
 Ser Tyr Ser Tyr Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45
 Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Asp
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65		70		75		80									
Ser	Leu	Gln	Ala	Glu	Asp	Val	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Gln	His	Ser	Trp
				85					90					95	
Glu	Ile	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Arg
			100					105					110		
Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp	Glu	Gln
		115					120					125			
Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Tyr
	130					135					140				
Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser
145					150					155				160	
Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr
			165						170					175	
Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys
		180						185					190		
His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro
		195					200					205			
Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys						
	210					215									
<210>	117														
<211>	451														
<212>	PRT														
<213>	Secuencia artificial														
<220>															
<223>	Cadena pesada hSC27.22														
<400>	117														
Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1			5					10					15		
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr
		20					25					30			
Trp	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Arg	Leu	Glu	Trp	Met

35	40	45																	
Gly	Met	Ile	His	Pro	Ser	Asp	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Asn	Gln	Lys	Phe				
50						55					60								
Lys	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ala	Ser	Thr	Ala	Tyr				
65					70					75					80				
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
			85						90					95					
Ala	Arg	Ile	Asp	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Phe	Asp	Tyr	Trp				
			100					105					110						
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro				
		115					120						125						
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr				
	130					135						140							
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr				
145					150					155					160				
Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro				
			165						170					175					
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr				
		180						185					190						
Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn				
	195						200					205							
His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser				
	210					215					220								
Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu				
225					230					235					240				
Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu				
			245						250					255					
Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser				
			260					265						270					

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445

Ser Pro Gly
450

<210> 118
<211> 215
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena liviana hSC27.108

<400> 118

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser
20 25 30

Asn Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Tyr Pro
85 90 95

His Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 119

<211> 455
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.108

<400> 119

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Leu Ile Asn Pro Gly Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Arg Ser Pro Leu Gly Ser Trp Ile Tyr Tyr Ala Tyr Asp Gly
100 105 110

Val Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
115 120 125

Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
130 135 140

Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145 150 155 160

Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
165 170 175

His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
180 185 190

Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile

195		200		205	
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val					
210		215		220	
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala					
225		230		235	240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro					
	245		250		255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val					
	260		265		270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val					
	275		280		285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln					
290		295		300	
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln					
305		310		315	320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala					
	325		330		335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro					
	340		345		350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr					
	355		360		365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser					
370		375		380	
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr					
385		390		395	400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr					
	405		410		415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe					
	420		425		430

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
435 440 445

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
450 455

<210> 120

<211> 214

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena liviana hSC27.204

<400> 120

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Gly Gln Asn Val Gly Thr Ser
20 25 30

Val Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ile Thr Tyr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 121
<211> 441
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.204

<400> 121

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr

355		360		365	
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn					
370		375		380	
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe					
385		390		395	400
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn					
	405		410		415
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr					
	420		425		430
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly					
	435		440		
<210> 122					
<211> 451					
<212> PRT					
<213> Secuencia artificial					
<220>					
<223> Cadena pesada hSC27.22ss1					
<400> 122					
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala					
1	5		10		15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr					
	20		25		30
Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met					
	35		40		45
Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe					
	50		55		60
Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr					
65		70		75	80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys					
	85		90		95
Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp					

100	105	110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr	Val Ser Ser Ala Ser Thr	Lys Gly Pro
115	120	125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro	Ser Ser Lys Ser Thr Ser	Gly Gly Thr
130	135	140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val	Lys Asp Tyr Phe Pro Glu	Pro Val Thr
145	150	155
160		
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala	Leu Thr Ser Gly Val His	Thr Phe Pro
165	170	175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly	Leu Tyr Ser Leu Ser Ser	Val Val Thr
180	185	190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly	Thr Gln Thr Tyr Ile Cys	Asn Val Asn
195	200	205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys	Val Asp Lys Lys Val Glu	Pro Lys Ser
210	215	220
Ser Asp Lys Thr His Thr Cys	Pro Pro Cys Pro Ala Pro	Glu Leu Leu
225	230	235
240		
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu	Phe Pro Pro Lys Pro Lys	Asp Thr Leu
245	250	255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu	Val Thr Cys Val Val Val	Asp Val Ser
260	265	270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys	Phe Asn Trp Tyr Val Asp	Gly Val Glu
275	280	285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys	Pro Arg Glu Glu Gln Tyr	Asn Ser Thr
290	295	300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu	Thr Val Leu His Gln Asp	Trp Leu Asn
305	310	315
320		
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys	Val Ser Asn Lys Ala Leu	Pro Ala Pro
325	330	335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445

Ser Pro Gly
450

<210> 123
<211> 451
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.22-VH1-8

<400> 123

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asn Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290		295		300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn				
305		310		320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro				
	325		330	335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln				
	340		345	350
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val				
	355		360	365
Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val				
	370		375	380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro				
385		390		400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr				
	405		410	415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val				
	420		425	430
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu				
	435		440	445
Ser Pro Gly				
450				
<210>	124			
<211>	451			
<212>	PRT			
<213>	Secuencia artificial			
<220>				
<223>	Cadena pesada hSC27.22-VH1-46			
<400>	124			
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala				
1		5		10
				15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr				

20				25				30							
Trp	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met
35				40				45							
Gly	Met	Ile	His	Pro	Ser	Asp	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Asn	Gln	Lys	Phe
50				55				60							
Lys	Asp	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Thr	Ser	Thr	Val	Tyr
65				70				75				80			
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
85				90				95							
Ala	Arg	Ile	Asp	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Phe	Asp	Tyr	Trp
100				105				110							
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro
115				120				125							
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr
130				135				140							
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr
145				150				155				160			
Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro
165				170				175							
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr
180				185				190							
Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn
195				200				205							
His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser
210				215				220							
Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu
225				230				235				240			
Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu
245				250				255							

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435 440 445

Ser Pro Gly
450

<210> 125

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.22-VH1-69

<400> 125

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

210		215		220															
Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu				
225					230				235					240					
Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu				
				245					250					255					
Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser				
			260					265					270						
His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu				
		275					280					285							
Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr				
	290					295					300								
Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn				
305				310					315					320					
Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro				
				325					330					335					
Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln				
			340					345					350						
Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Asp	Glu	Leu	Thr	Lys	Asn	Gln	Val				
		355					360					365							
Ser	Leu	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val				
	370					375					380								
Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro				
385				390					395					400					
Pro	Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr				
			405					410					415						
Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val				
			420					425					430						
Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu				
	435					440					445								

Ser Pro Gly
450

<210> 126
<211> 447
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG2

<400> 126

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Asn Phe Gly Thr Gln Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Glu Arg Lys Cys
210 215 220

Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser
225 230 235 240

Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
245 250 255

Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro
260 265 270

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
275 280 285

Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Phe Arg Val Val
290 295 300

Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
305 310 315 320

Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr
325 330 335

Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu
340 345 350

Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys
355 360 365

Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
370 375 380

Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Met Leu Asp
385 390 395 400

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

	405		410		415										
Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala
		420						425						430	
Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Gly	
		435					440						445		
<210> 127															
<211> 448															
<212> PRT															
<213> Secuencia artificial															
<220>															
<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 R409K															
<400> 127															
Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1			5						10					15	
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr
			20					25					30		
Trp	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Arg	Leu	Glu	Trp	Met
		35					40					45			
Gly	Met	Ile	His	Pro	Ser	Asp	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Asn	Gln	Lys	Phe
	50					55					60				
Lys	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ala	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70				75					80	
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
			85						90					95	
Ala	Arg	Ile	Asp	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Phe	Asp	Tyr	Trp
			100					105					110		
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro
		115					120					125			
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Cys	Ser	Arg	Ser	Thr	Ser	Glu	Ser	Thr
		130				135					140				
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr

145		150		155		160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro						
		165		170		175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr						
		180		185		190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp						
		195		200		205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr						
		210		215		220
Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro						
		225		230		240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser						
		245		250		255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp						
		260		265		270
Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn						
		275		280		285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val						
		290		295		300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu						
		305		310		320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys						
		325		330		335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr						
		340		345		350
Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr						
		355		360		365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu						
		370		375		380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly
435 440 445

<210> 128

<211> 448

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 S228P

<400> 128

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr
210 215 220

Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355		360		365											
Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu
370						375					380				
Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu
385					390					395					400
Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Arg	Leu	Thr	Val	Asp	Lys
				405					410					415	
Ser	Arg	Trp	Gln	Glu	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu
			420					425					430		
Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Leu	Gly
	435						440					445			
<210> 129															
<211> 448															
<212> PRT															
<213> Secuencia artificial															
<220>															
<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 S228P K370E R409K															
<400> 129															
Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1			5						10					15	
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr
			20				25						30		
Trp	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Arg	Leu	Glu	Trp	Met
	35					40					45				
Gly	Met	Ile	His	Pro	Ser	Asp	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Asn	Gln	Lys	Phe
	50					55					60				
Lys	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ala	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70				75					80	
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
			85					90					95		
Ala	Arg	Ile	Asp	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Phe	Asp	Tyr	Trp

100							105							110						
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro					
115							120							125						
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Cys	Ser	Arg	Ser	Thr	Ser	Glu	Ser	Thr					
130							135							140						
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr					
145							150							155						
Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro					
165							170							175						
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr					
180							185							190						
Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Cys	Asn	Val	Asp					
195							200							205						
His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Arg	Val	Glu	Ser	Lys	Tyr					
210							215							220						
Gly	Pro	Pro	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Phe	Leu	Gly	Gly	Pro					
225							230							235						
Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser					
245							250							255						
Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	Gln	Glu	Asp					
260							265							270						
Pro	Glu	Val	Gln	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn					
275							280							285						
Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Phe	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val					
290							295							300						
Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu					
305							310							315						
Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Gly	Leu	Pro	Ser	Ser	Ile	Glu	Lys					
325							330							335						

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Glu Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly
435 440 445

<210> 130

<211> 448

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 K370E

<400> 130

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr
210 215 220

Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305						310						315						320
Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Gly	Leu	Pro	Ser	Ser	Ile	Glu	Lys			
				325					330					335				
Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr			
				340					345					350				
Leu	Pro	Pro	Ser	Gln	Glu	Glu	Met	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Thr			
				355					360					365				
Cys	Leu	Val	Glu	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu			
				370					375					380				
Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu			
				385					390					395				
Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Arg	Leu	Thr	Val	Asp	Lys			
				405					410					415				
Ser	Arg	Trp	Gln	Glu	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu			
				420					425					430				
Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Leu	Gly			
				435					440					445				
<210> 131																		
<211> 448																		
<212> PRT																		
<213> Secuencia artificial																		
<220>																		
<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 S228P K370E																		
<400> 131																		
Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala			
1				5				10				15						
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr			
				20					25					30				
Trp	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Arg	Leu	Glu	Trp	Met			
				35					40					45				
<400> 131																		
Gly	Met	Ile	His	Pro	Ser	Asp	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Asn	Gln	Lys	Phe			

50																
Lys	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ala	Ser	Thr	Ala	Tyr	
65					70					75					80	
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	
				85					90					95		
Ala	Arg	Ile	Asp	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Phe	Asp	Tyr	Trp	
			100					105					110			
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	
		115					120						125			
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Cys	Ser	Arg	Ser	Thr	Ser	Glu	Ser	Thr	
	130					135					140					
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	
145					150					155					160	
Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	
				165					170					175		
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	
		180						185					190			
Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Cys	Asn	Val	Asp	
	195						200					205				
His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Arg	Val	Glu	Ser	Lys	Tyr	
	210					215					220					
Gly	Pro	Pro	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Phe	Leu	Gly	Gly	Pro	
225					230					235					240	
Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	
				245					250					255		
Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	Gln	Glu	Asp	
			260					265					270			
Pro	Glu	Val	Gln	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	
	275						280					285				

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Glu Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly
435 440 445

<210> 132

<211> 448

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 C127S S228P

<400> 132

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr
210 215 220

Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp

260	265	270
Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn		
275	280	285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val		
290	295	300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu		
305	310	315
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys		
325	330	335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr		
340	345	350
Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr		
355	360	365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu		
370	375	380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu		
385	390	395
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys		
405	410	415
Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu		
420	425	430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly		
435	440	445

<210> 133
 <211> 448
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 C127S K370E

<400> 133

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

1	5	10	15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr	20	25	30
Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met	35	40	45
Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe	50	55	60
Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr	65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys	85	90	95
Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp	100	105	110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro	115	120	125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr	130	135	140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr	145	150	155
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro	165	170	175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr	180	185	190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp	195	200	205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr	210	215	220
Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro	225	230	235
			240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Glu Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly
435 440 445

<210> 134

<211> 448

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.22 IgG4 C127S S228P K370E

<400> 134

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115 120 125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
130 135 140

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145 150 155 160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr

210				215				220							
Gly 225	Pro	Pro	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu 235	Phe	Leu	Gly	Gly	Pro 240
Ser	Val	Phe	Leu	Phe 245	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys 250	Asp	Thr	Leu	Met	Ile 255	Ser
Arg	Thr	Pro	Glu 260	Val	Thr	Cys	Val	Val 265	Val	Asp	Val	Ser	Gln 270	Glu	Asp
Pro	Glu	Val	Gln 275	Phe	Asn	Trp	Tyr 280	Val	Asp	Gly	Val	Glu 285	Val	His	Asn
Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu 295	Gln	Phe	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val
Val 305	Ser	Val	Leu	Thr	Val 310	Leu	His	Gln	Asp	Trp 315	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu 320
Tyr	Lys	Cys	Lys	Val 325	Ser	Asn	Lys	Gly	Leu 330	Pro	Ser	Ser	Ile	Glu 335	Lys
Thr	Ile	Ser	Lys 340	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro 345	Arg	Glu	Pro	Gln	Val 350	Tyr	Thr
Leu	Pro	Pro	Ser	Gln	Glu	Glu	Met 360	Thr	Lys	Asn	Gln	Val 365	Ser	Leu	Thr
Cys 370	Leu	Val	Glu	Gly	Phe	Tyr	Pro 375	Ser	Asp	Ile	Ala	Val 380	Glu	Trp	Glu
Ser 385	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu 390	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr 395	Thr	Pro	Pro	Val	Leu 400
Asp	Ser	Asp	Gly	Ser 405	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser 410	Arg	Leu	Thr	Val	Asp 415	Lys
Ser	Arg	Trp	Gln	Glu	Gly	Asn	Val 420	Phe	Ser 425	Cys	Ser	Val	Met 430	His	Glu
Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln 440	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu 445	Ser	Leu	Gly

<210> 135
<211> 215
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.108v1

<400> 135

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Asp Phe Gln Ser Val Thr Pro Lys
1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser
20 25 30

Asn Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gln Ser Pro Lys Leu Trp
35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu
65 70 75 80

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

His Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
100 105 110

Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
130 135 140

Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145 150 155 160

Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
165 170 175

Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
180 185 190

Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
195 200 205

Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 136

<211> 441

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.204v1

<400> 136

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

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

385					390						395					400
Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	
				405					410					415		
Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	
			420					425					430			
Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Gly								
			435				440									
<210>	137															
<211>	441															
<212>	PRT															
<213>	Secuencia artificial															
<220>																
<223>	Cadena pesada hSC27.204v2															
<400>	137															
Glu	Val	Gln	Leu	Leu	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	
1			5						10					15		
Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Ser	Arg	Tyr	
			20					25					30			
Trp	Met	Ser	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	
			35				40						45			
Ser	Glu	Ile	Asn	Pro	Asp	Ser	Ser	Thr	Ile	Gln	Tyr	Thr	Pro	Ser	Leu	
	50					55					60					
Lys	Ala	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	
65					70					75					80	
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	
				85					90					95		
Thr	Gly	Pro	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	
			100					105					110			
Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	
			115				120					125				
Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	

130					135					140					
Phe 145	Pro	Glu	Pro	Val	Thr 150	Val	Ser	Trp	Asn	Ser 155	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser 160
Gly	Val	His	Thr	Phe 165	Pro	Ala	Val	Leu	Gln 170	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser 175
Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser 185	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr 190
Tyr	Ile	Cys 195	Asn	Val	Asn	His	Lys 200	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys 205	Val	Asp	Lys
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp 215	Lys	Thr	His	Thr	Cys 220	Pro	Pro	Cys
Pro 225	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro 240
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg 250	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys 255
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp 265	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp
Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn 280	Ala	Lys	Thr	Lys 285	Pro	Arg	Glu
Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val 295	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu
His 305	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys 315	Cys	Lys	Val	Ser	Asn 320
Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys 330	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly 335
Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr 345	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Asp	Glu
Leu	Thr	Lys 355	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Thr 360	Cys	Leu	Val	Lys 365	Gly	Phe	Tyr

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 138
<211> 441
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.204v3

<400> 138

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu

340 345 350
 Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
 355 360 365
 Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
 370 375 380
 Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
 385 390 395 400
 Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
 405 410 415
 Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
 420 425 430
 Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 435 440
 <210> 139
 <211> 441
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Cadena pesada hSC27.204v4
 <400> 139
 Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr
 20 25 30
 Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
 50 55 60
 Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85					90					95					
Thr	Gly	Pro	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser
			100					105					110		
Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys
			115					120					125		
Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr
130					135						140				
Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser
145					150						155			160	
Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser
			165					170						175	
Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr
			180					185						190	
Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys
195						200						205			
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys
210					215						220				
Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro
225					230					235			240		
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys
			245					250						255	
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp
			260					265						270	
Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu
275						280						285			
Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu
290					295						300				
His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn
305					310					315			320		

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 140

<211> 441

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.204v5

<400> 140

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu

290		295		300
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn				
305		310		320
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly				
	325		330	335
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu				
	340		345	350
Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr				
	355		360	365
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn				
	370		375	380
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe				
385		390		400
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn				
	405		410	415
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr				
	420		425	430
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly				
	435		440	
<210> 141				
<211> 441				
<212> PRT				
<213> Secuencia artificial				
<220>				
<223> Cadena pesada hSC27.204v6				
<400> 141				
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly				
1		5		10
				15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr				
	20		25	30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val				

35	40	45																	
Ser	Glu	Ile	Asn	Pro	Asp	Ser	Ser	Thr	Ile	Gln	Tyr	Thr	Pro	Ser	Leu				
50						55					60								
Lys	Ala	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr				
65					70					75				80					
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
			85						90				95						
Thr	Gly	Pro	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser				
			100					105					110						
Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys				
		115					120					125							
Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr				
	130					135					140								
Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser				
145					150					155				160					
Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser				
			165						170					175					
Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr				
			180					185					190						
Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys				
	195						200					205							
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys				
	210					215					220								
Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro				
225					230					235				240					
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys				
			245						250					255					
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp				
			260					265						270					

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 142

<211> 441

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.204v7

<400> 142

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Thr Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

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

	245		250		255
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp					
	260		265		270
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu					
	275		280		285
Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu					
	290		295		300
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn					
305		310		315	320
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly					
	325		330		335
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu					
	340		345		350
Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr					
	355		360		365
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn					
	370		375		380
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe					
385		390		395	400
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn					
	405		410		415
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr					
	420		425		430
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly					
	435		440		

<210> 143

<211> 441

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.204v8

<400> 143

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 144

<211> 441
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.204v9

<400> 144

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

195	200	205																	
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys				
210						215					220								
Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro				
225					230					235					240				
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys				
				245					250					255					
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp				
			260					265					270						
Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu				
	275						280					285							
Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu				
290						295					300								
His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn				
305					310					315					320				
Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly				
				325					330					335					
Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Asp	Glu				
		340						345					350						
Leu	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr				
	355						360					365							
Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn				
370						375					380								
Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe				
385					390					395					400				
Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn				
			405					410					415						
Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr				
			420					425					430						

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 145
<211> 441
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.204v10

<400> 145

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

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

	405		410		415
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr					
	420		425		430
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly					
	435		440		
<210> 146					
<211> 441					
<212> PRT					
<213> Secuencia artificial					
<220>					
<223> Cadena pesada hSC27.204v11					
<400> 146					
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly					
1	5		10		15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr					
	20		25		30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val					
	35		40		45
Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu					
	50		55		60
Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr					
65		70		75	80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys					
	85		90		95
Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser					
	100		105		110
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys					
	115		120		125
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr					
	130		135		140
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser					

145		150		155		160									
Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser
				165					170					175	
Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr
			180					185					190		
Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys
		195						200					205		
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys
	210							215				220			
Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro
225					230					235					240
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys
				245					250					255	
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp
			260						265				270		
Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu
		275						280					285		
Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu
	290							295				300			
His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn
305					310					315					320
Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly
				325					330				335		
Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Asp	Glu
			340					345					350		
Leu	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr
		355						360				365			
Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn
	370							375				380			

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 147
<211> 441
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cadena pesada hSC27.204v12

<400> 147

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr

355		360		365
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn				
370		375		380
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe				
385		390		400
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn				
	405		410	415
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr				
	420		425	430
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly				
	435		440	
<210> 148				
<211> 441				
<212> PRT				
<213> Secuencia artificial				
<220>				
<223> Cadena pesada hSC27.204v13				
<400> 148				
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly				
1		5	10	15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr				
	20		25	30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val				
	35		40	45
Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu				
	50		55	60
Lys Ala Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr				
65		70	75	80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys				
	85		90	95
Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser				

100	105	110
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys		
115	120	125
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr		
130	135	140
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser		
145	150	155
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser		
	165	170
		175
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr		
	180	185
		190
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys		
	195	200
		205
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys		
	210	215
		220
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro		
225	230	235
		240
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys		
	245	250
		255
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp		
	260	265
		270
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu		
	275	280
		285
Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu		
	290	295
		300
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn		
305	310	315
		320
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly		
	325	330
		335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 149

<211> 441

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cadena pesada hSC27.204v14

<400> 149

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

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

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

Ser Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

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

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

Ala Gly Pro Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
115 120 125

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
130 135 140

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
145 150 155 160

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
165 170 175

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
180 185 190

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
195 200 205

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
210 215 220

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
225 230 235 240

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
245 250 255

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
260 265 270

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
275 280 285

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

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

305					310						315					320
Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	
				325					330					335		
Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Asp	Glu	
			340					345					350			
Leu	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	
		355					360					365				
Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	
	370					375					380					
Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	
385					390				395						400	
Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	
				405					410					415		
Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	
			420					425					430			
Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Gly								
		435					440									
<210>		150														
<211>		441														
<212>		PRT														
<213>		Secuencia artificial														
<220>																
<223>		Cadena pesada hSC27.204v15														
<400>		150														
Glu	Val	Gln	Leu	Leu	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	
1				5					10					15		
Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Asp	Phe	Ser	Arg	Tyr	
			20					25					30			
Trp	Met	Ser	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	
		35					40					45				
Ser	Glu	Ile	Asn	Pro	Asp	Ser	Ser	Thr	Ile	Asn	Tyr	Asn	Pro	Ser	Leu	

50																			
Lys	Ala	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr				
65					70					75					80				
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
				85					90					95					
Ala	Gly	Pro	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser				
			100					105						110					
Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys				
			115				120						125						
Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr				
	130					135					140								
Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser				
145						150				155					160				
Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser				
				165					170					175					
Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr				
			180					185						190					
Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys				
		195					200					205							
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys				
	210					215					220								
Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro				
225					230					235					240				
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys				
				245					250					255					
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp				
			260					265					270						
Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu				
	275						280					285							

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
290 295 300

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
305 310 315 320

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
325 330 335

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
340 345 350

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
355 360 365

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
370 375 380

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
385 390 395 400

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
405 410 415

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
420 425 430

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440

<210> 151
<211> 11
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.1 CDRL1

<400> 151

Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 152
<211> 7
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.1 CDRL2

<400> 152

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr
1 5

<210> 153

<211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.1 CDRL3

<400> 153

Gln Gln Tyr Trp Ser Thr Pro Leu Thr
1 5

<210> 154

<211> 5

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.1 CDRH1

<400> 154

Glu Tyr Thr Leu His
1 5

<210> 155

<211> 17

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.1 CDRH2

<400> 155

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asp Thr Ile Tyr Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 156

<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.1 CDRH3

<400> 156

Arg Ala Ile Thr Val Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10

<210> 157
<211> 15
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.22 CDRL1

<400> 157

Arg Ala Ser Gln Thr Val Ser Thr Ser Ser Tyr Ser Tyr Met His
1 5 10 15

<210> 158
<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.22 CDRL2

<400> 158

Phe Ala Ser Asn Val Glu Ser
1 5

<210> 159
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.22 CDRL3

<400> 159

Gln His Ser Trp Glu Ile Pro Trp Thr
1 5

<210> 160
<211> 5
<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.22 CDRH1

<400> 160

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 161

<211> 17

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.22 CDRH2

<400> 161

Met Ile His Pro Ser Asp Ser Glu Ile Arg Leu Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 162

<211> 13

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.22 CDRH3

<400> 162

Ile Asp Ser Tyr Tyr Gly Tyr Leu Phe Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 163

<211> 12

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> hSC27.108 CDRL1

<400> 163

Ser Val Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser Asn Leu His

1 5 10

<210> 164

<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.108 CDRL2

<400> 164

Gly Thr Ser Asn Leu Ala Ser
1 5

<210> 165
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.108 CDRL3

<400> 165

Gln Gln Trp Ser Ser Tyr Pro His Thr
1 5

<210> 166
<211> 5
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.108 CDRH1

<400> 166

Asn Tyr Leu Ile Glu
1 5

<210> 167
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.108 CDRH2

<400> 167

Leu Ile Asn Pro Gly Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 168
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.108 CDRH3

<400> 168

Arg Ser Pro Leu Gly Ser Trp Ile Tyr Tyr Ala Tyr Asp Gly Val Ala
1 5 10 15

Tyr

<210> 169
<211> 11
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204 CDRL1

<400> 169

Lys Ala Gly Gln Asn Val Gly Thr Ser Val Ala
1 5 10

<210> 170
<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204 CDRL2

<400> 170

Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser
1 5

<210> 171
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204 CDRL3

<400> 171

Gln Gln Tyr Ile Thr Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 172
<211> 5
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204 CDRH1

<400> 172

Arg Tyr Trp Met Ser
1 5

<210> 173
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204 CDRH2

<400> 173

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys
1 5 10 15

Ala

<210> 174
<211> 3
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204 CDRH3

<400> 174

Pro Ala Tyr
1

<210> 175
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204v1, hSC27.204v5 y hSC27.405v13 CDRH2

<400> 175

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Lys Tyr Thr Pro Ser Leu Lys
1 5 10 15

Ala

<210> 176
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204v2, hSC27.204v6 y hSC27.405v14 CDRH2

<400> 176

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Gln Tyr Thr Pro Ser Leu Lys
1 5 10 15

Ala

<210> 177
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> hSC27.204v3, hSC27.204v7 y hSC27.405v15 CDRH2

<400> 177

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
1 5 10 15

Ala

<210> 178
<211> 366
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> ADN HC de longitud completa hSC27.22ss1 optimizado con codón

<400> 178
caagtgcagc tcgtccagtc cgggtgccgaa gtcaagaagc cgggcgcacg agtgaaagtg 60
tcgtgcaaag cctccgggta caccttcacc tcatactgga tgaactgggt ccgccaagcc 120

ccgggacaga gactggagtg gatgggcatg attcacccat ccgattccga gatccggctg	180
aaccagaagt tcaaggaccg cgtgaccatc acccgggaca ccagcgccag cactgcctac	240
atggaattga gctcgctgcg gtccgaggat accgctgtgt actattgcgc gaggatcgac	300
tcctactacg gctacctttt ctacttcgac tactggggac aagggacgac cgtgactgtg	360
tcgagc	366

1. Un receptor quimérico de antígeno que comprende un dominio de unión anti-CLDN, en donde el dominio de unión anti-CLDN comprende un dominio scFv de unión anti-CLDN, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende:
- (a) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 21 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 23; o
 - (b) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 25 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 27; o
 - (c) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 29 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 31; o
 - (d) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 33 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 35; o
 - (e) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 37 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 39; o
 - (f) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 41 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 43; o
 - (g) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 45 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 47; o
 - (h) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 49 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 51; o
 - (i) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 53 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 55; o
 - (j) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 57 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 59; o

(k) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 61 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 63; o

(l) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 65 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 67; o

(m) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 69 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 71; o

(n) tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 73 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 87.

2. El receptor quimérico de antígeno de la reivindicación 1, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 69 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 71.

3. El receptor quimérico de antígeno de la reivindicación 1, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende tres CDRs de una región variable de cadena liviana que se detallan en SEQ ID NO: 73 y tres CDRs de región variable de cadena pesada que se detallan en SEQ ID NO: 87.

4. El receptor quimérico de antígeno de la reivindicación 3, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende los residuos 24-34 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL1, los residuos 50-56 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL2, los residuos 89-97 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL3, los residuos 31-35 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH1, los residuos 50-65 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH2 y los residuos 95-102 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH3, en donde los residuos de CDR están numerados de acuerdo a Kabat.

5. El receptor quimérico de antígeno de la reivindicación 3, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende los residuos 24-34 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL1, los residuos 50-56 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL2, los residuos 89-97 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL3, los residuos 26-32 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH1, los residuos 52-56 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH2 y los residuos 95-102 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH3, en donde los residuos de CDR están numerados de acuerdo a Chothia.

6. El receptor quimérico de antígeno de la reivindicación 3, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende los residuos 30-36 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL1, los residuos 46-55 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL2, los residuos 89-96 de la SEQ ID NO: 73 para CDRL3, los residuos 30-35 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH1, los residuos 47-58 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH2 y los residuos 93-101 de la SEQ ID NO: 87 para la CDRH3, en donde los residuos de CDR están numerados de acuerdo a MacCallum.

7. El receptor quimérico de antígeno de cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde el dominio scFv de unión anti-CLDN comprende:

- (a) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 21 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 23; o
- (b) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 25 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 27; o
- (c) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 29 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 31; o
- (d) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 33 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 35; o
- (e) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 37 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 39; o
- (f) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 41 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 43; o
- (g) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 45 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 47; o
- (h) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 49 y una

región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 51; o

(i) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 53 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 55; o

(j) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 57 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 59; o

(k) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 61 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 63; o

(l) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 65 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 67; o

(m) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 69 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 71; o

(n) una región variable de cadena liviana que se detalla en SEQ ID NO: 73 y una región variable de cadena pesada que se detalla en SEQ ID NO: 87.

8. El receptor quimérico de antígeno de cualquiera de las reivindicaciones 1-7, en donde la región variable de cadena liviana y la región variable de cadena pesada del dominio scFv de unión anti-CLDN están operativamente unidas por un péptido conector que comprende un polipéptido como se detalla en la SEQ ID NO: 3.

9. El receptor quimérico de antígeno de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, que comprende un dominio intracelular que comprende un dominio de señalización 4-1BB y un dominio de señalización CD3ζ.

10. El receptor quimérico de antígeno de la reivindicación 9, que además comprende un dominio transmembrana que comprende una región bisagra alfa CD8 humana opcional.

11. Un ácido nucleico que codifica una región variable de cadena liviana y/o una región variable de cadena pesada de la porción de dominio scFv de unión anti-CLDN del receptor quimérico de antígeno de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10.

12. El ácido nucleico de la reivindicación 11, en donde la región variable de cadena liviana está codificada por el polinucleótido que se detalla en la SEQ ID NO: 68 y la

región variable de la cadena pesada está codificada por el polinucleótido que se detalla en la SEQ ID NO: 70.

13. El ácido nucleico de la reivindicación 11, en donde la región variable de cadena liviana está codificada por el polinucleótido que se detalla en la SEQ ID NO: 72 y la región variable de la cadena pesada está codificada por el polinucleótido que se detalla en la SEQ ID NO: 86.

14. El ácido nucleico de cualquiera de las reivindicaciones 11-13, que además comprende secuencias de polinucleótidos que codifican un conector que une operativamente la la región variable de cadena liviana y la región variable de cadena pesada.

15. El ácido nucleico de la reivindicación 14, que comprende un polinucleótido como se detalla en la SEQ ID NO: 4 o SEQ ID NO: 6.

16. El ácido nucleico de la reivindicación 14 o de la reivindicación 15, que además comprende secuencias de polinucleótidos que codifican un dominio transmembrana que comprende una región bisagra alfa CD8 humana opcional; y un dominio intracelular que comprende un dominio de señalización 4-1BB y un dominio de señalización CD3ζ.

17. El ácido nucleico de la reivindicación 16 que comprende un polinucleótido como se detalla en la SEQ ID NO: 8 o SEQ ID NO: 10.

18. Un vector que comprende el ácido nucleico de cualquiera de las reivindicaciones 11-16.

19. El vector de la reivindicación 18, en donde el vector comprende un vector viral.

20. El vector de la reivindicación 19, en donde el vector viral comprende un vector lentiviral o un vector retroviral.

21. El vector de cualquiera de las reivindicaciones 18-20 que expresa un polipéptido que se detalla en la SEQ ID NO: 5 o SEQ ID NO: 7.

22. El vector de cualquiera de las reivindicaciones 18-20 que expresa un polipéptido que se detalla en la SEQ ID NO: 9 o SEQ ID NO: 11.

23. Una célula huésped aislada que comprende el vector de cualquiera de las reivindicaciones 18-22, en donde la célula huésped aislada es una línea de células huésped o una célula primaria aislada.

24. La célula huésped aislada de la reivindicación 23, en donde la célula huésped comprende un linfocito sensibilizado CLDN, en donde el linfocito sensibilizado CLDN es autólogo o alogénico.

25. La célula huésped aislada de la reivindicación 23 o 24, en donde el linfocito sensibilizado CLDN es una célula T o una célula asesina natural (NK).

26. La célula huésped aislada de la reivindicación 25, en donde la célula T es una célula T CD8+.

27. La célula huésped aislada de la reivindicación 25, en donde el linfocito sensibilizado CLDN es una célula NK.

28. Un método para producir una célula huésped de cualquiera de las reivindicaciones 23-27 que comprende los pasos de:

(a) transducir una célula huésped con el vector de cualquiera de las reivindicaciones 18-22;

(b) cultivar la célula huésped en un medio que contiene antibiótico para seleccionar positivamente las células huésped transducidas que contienen el vector; y

(c) analizar las células huésped transducidas para la expresión de scfV anti-CLDN en la superficie celular.

- 29.** Un kit para generar linfocitos sensibles a CLDN, que comprende uno o más contenedores que contienen el vector de cualquiera de las reivindicaciones 18-22 y un agente para transducir los linfocitos.
- 30.** Una composición farmacéutica que comprende una célula huésped de cualquiera de las reivindicaciones 23 a 27.
- 31.** Un kit para generar linfocitos sensibles a CLDN, que comprende uno o más contenedores que contienen el vector de cualquiera de las reivindicaciones 18-22 y un agente para transducir los linfocitos.

Señor
Director de la Dirección de Nuevas Creaciones
Superintendencia de Industria y Comercio
Ministerio de Comercio, Industria y Turismo
E. S. D.

Re.: Expediente No. **NC2017/0005538**
Solicitud de Patente PCT entrada en Fase Nacional, para:
“RECEPTORES QUIMÉRICOS DE ANTÍGENO ANTI-CLDN”
Solicitante: **ABBVIE STEMCENTRX LLC**

RESPUESTA A EXAMEN DE FORMA

Yo, **MARGARITA CASTELLANOS ABONDANO**, mayor de edad, identificada y domiciliada como aparece al pie de mi firma, obrando en mi calidad de apoderada de la sociedad solicitante del asunto citado en la referencia, en atención a su oficio No. **9056** notificado el **14 de junio de 2017**, y para el cual solicite prórroga oportunamente el **4 de agosto de 2017**, atentamente me permito dar respuesta al mismo de la siguiente manera:

1. Título

Sugiere el examinador omitir del título le referencia "métodos de uso", toda vez que corresponde a materia no patentable.

- Siguiendo dicha recomendación, se ha modificado el Título de la presente solicitud por:

“RECEPTORES QUIMÉRICOS DE ANTÍGENO ANTI-CLDN”

2. Excepción a la patentabilidad

Indica el examinador que el objeto de las reivindicaciones 23 a 26 no es patentable de acuerdo con el Artículo 20 de la Decisión 486, toda vez que se refiere a la administración de una composición farmacéutica a un paciente para tratar el cáncer. Así mismo, el objeto de la reivindicación 27 tampoco es patentable de acuerdo con dicho Artículo, porque comprende poner en contacto una población de células tumorales con una composición farmacéutica, lo cual corresponde a un método de tratamiento.

- A fin de superar estas objeciones, el pliego reivindicatorio que se presenta en esta oportunidad no contienen las antiguas reivindicaciones 23 a 27.

3. Modificación a las Reivindicaciones

De acuerdo con lo establecido en el Artículo 34 de la Decisión 486 y en vista de las observaciones realizadas por el examinador, se presenta en esta oportunidad un nuevo pliego reivindicatorio conformado por 31 reivindicaciones, en donde se solicita tener en cuenta lo siguiente:

- Indica el examinador que la reivindicación 1 no es clara porque reclama un receptor quimérico pero no lo caracteriza estructuralmente y sólo menciona que comprende un dominio de unión anti-CLDN, lo cual no permite definir la estructura del receptor reclamado.
 - ✓ A este respecto, la reivindicación 1 no se incluye en esta oportunidad a fin de enfocar las reivindicaciones en aspectos particulares de la invención. Por lo tanto, la objeción se torna irrelevante con respecto a la reivindicación 1. La reivindicación 4 (modificada y reenumerada como reivindicación 1) incorpora elementos previamente especificados en las reivindicaciones 1 y 2, y especifica que el dominio scFv de unión anti-CLDN está definido por su estructura, es decir, las secuencias de las tres CDRs de la cadena liviana y las secuencias de las tres CDRs de la cadena pesada.
- Señala el examinador que las reivindicaciones 1 a 3 y 5 a 7 no son claras porque mencionan resultados a alcanzar y no definen el receptor quimérico reclamado.
 - ✓ Con el superar estas objeciones, las reivindicaciones 1 a 3 y 5 a 7 se cancelaron a fin de enfocar las reivindicaciones a aspectos particulares de la invención.
- Se ha objetado que la reivindicación 4 no es clara, porque es dependiente de la reivindicación 3 en la cual se hace referencia a regiones variables de cadena ligera y pesada con sus respectivos SEQ ID NO, pero la reivindicación 4 menciona SEQ ID NO de regiones variables (SEQ ID NO: 69, 71, 73 y 87) adicionales, los cuales son estructuralmente diferentes de las secuencias reclamadas en la reivindicación 3 y cuyos CDRs también difieren de los CDRs comprendidos en las secuencias de la reivindicación 3.
 - ✓ Tal como se indicó previamente, la reivindicación 4 se modificó para que ahora sea la nueva reivindicación independiente 1.
- Se ha indicado que la reivindicación 10 no es clara, porque no define estructuralmente el polinucleótido reclamado.
 - ✓ A este respecto se solicita tener en cuenta la reivindicación 11 específica un ácido nucleico que codifica para una región variable de cadena liviana y/o pesada del dominio scFv de unión anti CLDN de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10, los cuales se definen por sus SEQ ID NOs. No obstante, una persona versada en la materia entendería rápidamente que las secuencias nucleotídicas correspondientes se describen en la descripción, por ejemplo, en la Figura 3C. Por lo tanto, las características esenciales se detallan en la reivindicación.

- El examinador ha objetado que las reivindicaciones 14 y 22 no son claras, porque no definen las características técnicas de la composición reclamada.
 - ✓ Estas reivindicaciones no se incluyen en el nuevo pliego reivindicatorio
- Señala el examinador que la reivindicación 15 carece de soporte, porque no se evidencia en la descripción el desarrollo de un kit que comprenda la composición farmacéutica reclamada.
 - ✓ Por favor tener en cuenta que se canceló la antigua reivindicación 15. La nueva reivindicación 31 abarca la materia de la anterior reivindicación 15. La reivindicación 31 se refiere a un kit que comprende uno o más contenedores y más de un componente, es decir, un vector lentiviral y un agente para facilitar la transducción de los linfocitos.
- Se objetó la reivindicación 16 no es clara, porque establece que la célula huésped se obtiene de un paciente, lo cual no corresponde a una característica técnica que defina la célula.
 - ✓ La reivindicación 16 (nueva reivindicación 23) especifica que la célula huésped es una línea de célula huésped o una célula primaria aislada
- Objeta el examinador la reivindicación 18 por no ser clara, ya que establece que la célula huésped se obtiene de un paciente, lo cual no corresponde a una característica técnica que defina la célula.
 - ✓ En esta oportunidad no se incluye la antigua reivindicación 18.
- De igual manera, se indica que la reivindicación 28 no es clara, porque reclama un método para producir un linfocito sensibilizado, pero no lo define mediante una secuencia lógica de etapas y condiciones técnicas específicas.
 - ✓ Esta reivindicación se ha modificado para especificar las etapas para llevar a cabo el método.

Se solicita atentamente tener en cuenta este nuevo pliego reivindicatorio para el análisis de patentabilidad, toda vez que no implica una ampliación de la materia inicialmente solicitada y además permite superar las objeciones comunicadas por el examinador.

Teniendo en cuenta lo anterior, es posible determinar que el pliego reivindicatorio es claro y conciso, cumpliendo así con los requerimientos del Artículo 30 de la Decisión 486.

4. Modificación voluntaria a la lista de secuencia

Por favor tener en cuenta que el listado de secuencias presentado originalmente no refleja correctamente las secuencias 12-19, las cuales se indican como “reservadas” en la Tabla de Resumen del Listado de Secuencias de la descripción de la PCT (ver la PCT/US2015/059106, Tabla 2, páginas 82-84).

El Listado de Secuencias modificado corrige este error obvio para mostrar que las secuencias 12-19 no se asocian con ninguna secuencia. Se puede encontrar sustento para esta modificación en la descripción presentada originalmente.

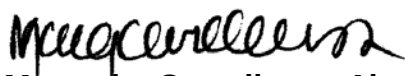
5. Conclusión

Teniendo en cuenta las modificaciones introducidas en esta oportunidad y los argumentos que se presentan, es posible establecer que las reivindicaciones cumplen con los requerimientos de la Decisión 486, y por lo tanto se solicita se ordene su publicación.

6. Anexos

- Nuevo pliego reivindicatorio conformado por treinta y ún (31) reivindicaciones.
- Modificación voluntaria de la lista de secuencias con su respectivo pago de tasas por este concepto.

Señor Director,



Margarita Castellanos Abondano

C.C. No. **39.779.654** de Bogotá

T.P.A. No. **70.819** del C.S.J.

Calle 94A No. 7A-09 - Bogotá, D.C.

Teléfono: 7560770

Bogotá, D.C.
MCA/lt
P4633
RESPUESTA EXAMEN DE FORMA