Carrera 11 No. 86-53, Piso 3
Edificio Segovia
110221 Bogotá, **Colombia**
T (+57) 1 618 10 88
F (+57) 1 635 08 24

P-2020/54034

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO
DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES
E. S. D.

Ref.: Expediente No. **NC2020/0016619**
Solicitud de Patente a nombre de **COMPUGEN LTD**

1. Yo, CAROLINA DAZA MONTALVO, identificada como aparece al pie de mi firma, domiciliada en la Carrera 11 No. 86-53, piso 3, obrando como apoderada de la sociedad solicitante de la patente que se tramita en el expediente de la referencia, dando alcance a la solicitud de patente radicada ante esa entidad el día 30 de diciembre de 2020, les solicito tener en cuenta las 347 figuras adjuntas a este memorial

Teniendo en cuenta que al momento de radicar la solicitud no fue posible subirlas 347 figuras una a una en jpj, nos vimos en la necesidad de radicarlas como un complemento de información inmediatamente después de la radicación de la solicitud.

En consecuencia, me permito solicitar se sirva tener en cuenta las 347 figuras en el trámite de esta solicitud.

CAROLINA DAZA MONTALVO
C.C. 66.783.790 de Palmira Valle
TP-141563 CSJ
notificaciones@clarkemodet.com.co

Figura 1

PVRIG humano WT de longitud completa

Secuencia de PVRIG humano que comienza desde la metionina alternativa en posición 21 (Longitud parcial)

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGT
TLAVLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPS
SDPGLSAPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFGCVYLLHLLRRHKHRPAPRLQPSRTSPQAPRARAWAP
SQA

(SEQ ID NO: 1)

Secuencia de PVRIG humano que comienza desde la metionina en posición 1 (Longitud parcial)

MRTEAQVPALQPPEPGLEGAMGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLG
SGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFC
CKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFGCVYLLHLLRRHKHRPA
PRLQPSRTSPQAPRARAWAPSQA

(SEQ ID NO: 2)

Proteína transmembrana PVRIG de longitud completa [Homo sapiens]

Secuencia de referencia de NCBI: NP 076975.

1 mrteaqvpal qppepglega mghrtlvlpw vlltlcvtag tpevwvqvrm eatelssfti

61 rcgflgsgsi slvtvswggp ngaggttlav lhpergirqw aparqarwet qssislileg

121 sgasspcant tfcckfasfp egsweacgsl ppssdpglsa pptpapilra dlagilgvsg

181 vllfgcvyll hllrrhkhrp aprlqpsrts pqaprarawa psqasqaalh vpyatintsc

241 rpatldtahp hggpswwasl pthaahrpqg paawastpip argsfvsven glyaqagerp

301 phtgpgltlf pdprgprame gplgvr

(SEQ ID NO: 3)

Figura 2

PVLR2 humano isoforma alfa

>gi|5360210|ref|NP_002847.1| precursor de nectina 2 isoforma alfa [Homo sapiens]

MARAAALLPSRSPPTPLLWPLLLLLLLETGAQDVRVQVLPEVRGQLGGTVELPCHLLPPVPGLYISLVTW

QRPDAPANHQNVAAFHPKMGPSFPSPKPGSERLSFVSAKQSTGQDTEAELQDATLALHGLTVEDEGNYTC

EFATFPKGSVRGMTWLRVIAKPKNQAEAQKVTFSQDPTTVALCISKEGRPPARISWLSSLDWEAKETQVS

GTLAGTVTVTSRFTLVPSGRADGVTVTCKVEHESFEEPALIPVTLSVRYPPEVSISGYDDNWYLGRTDAT

LSCDVRSNPEPTGYDWSTTSGTFPTSAVAQGSQLVIHAVDSLFNTTFVCTVTNAVGMGRAEQVIFVRETP

RASPRDVGPLVWGAVGGTLLVLLLLAGGSLAFILLRVRRRRKSPGGAGGGASGDGGFYDPKAQVLGNGDP

VFWTPVVPGPMEPDGKDEEEEEEEEKAEKGLMLPPPPALEDDMESQLDGSLISRRAVYV

(SEQ ID NO: 4)

PVLR2 humano isoforma delta

>gi|112789532|ref|NP_001036189.1| precursor de nectina 2 isoforma delta [Homo sapiens]

MARAAALLPSRSPPTPLLWPLLLLLLLETGAQDVRVQVLPEVRGQLGGTVELPCHLLPPVPGLYISLVTW
QRPDAPANHQNVAAFHPKMGPSFPSPKPGSERLSFVSAKQSTGQDTEAELQDATLALHGLTVEDEGNYTC
EFATFPKGSVRGMTWLRVIAKPKNQAEAQKVTFSQDPTTVALCISKEGRPPARISWLSSLDWEAKETQVS
GTLAGTVTVTSRFTLVPSGRADGVTVTCKVEHESFEEPALIPVTLSVRYPPEVSISGYDDNWYLGRTDAT
LSCDVRSNPEPTGYDWSTTSGTFPTSAVAQGSQLVIHAVDSLFNTTFVCTVTNAVGMGRAEQVIFVRETP
NTAGAGATGGIIGGIIAAIIATAVAATGILICRQQRKEQTLQGAEEDEDLEGPPSYKPPTPKAKLEAQEM
PSQLFTLGASEHSPLKTPYFDAGASCTEQEMPRYHELPTLEERSGPLHPGATSLGSPIPVPPGPPAVEDV
SLDLEDEEGEEEEEYLDKINPIYDALSY

(SEQ ID NO: 5)

Figura 3A

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.001	GGTFSSYA	6	IIPIFGTA	7	AREEVSSPYGMDV	8	TGAVTSGHY	9	DTG	10	LLSYSGASWV	11
CPA.7.003	GFSLSHFS	12	FDPEEGGT	13	ATGIWYSSGWPVDY	14	QSLLDSSGYNY	15	LGS	16	MQALQTPIT	17
CPA.7.004	GYTLTELS	18	FDPEDGET	19	ATVSRVRGVINYYYYMDV	20	QSLLYRNGNNY	21	LGS	22	MQALQTPPT	23
CPA.7.006	GGTFGTYA	24	ITPISATI	25	ARGFEYSDGLLDD	26	QSLFYSDDGNTY	27	RLS	28	MQHMEFPLT	29
CPA.7.008	SGSISSTNW	30	IYHSGST	31	ARVGPAAIYY	32	SNNVGYEG	33	RNN	34	SAWDSSLNAVV	35
CPA.7.009	GYTLTELS	36	FDPEDGET	37	ATAKPGIAVAGQNYYYYYMDV	38	QSLLYRNGNNY	39	LGS	40	MQALQTPPT	41
CPA.7.010	GFTFSSYA	42	ISYDGSNK	43	ASSPIGYSYGYWGGMDV	44	SGIDVRTNK	45	FQSDSDK	46	LIWHTSGWV	47
CPA.7.011	GYTLTELS	48	FDPEDGET	49	ATGPAAAGVGYYYYMDV	50	QSLLYRNGYNY	51	LGS	52	MQALQTPPT	53
CPA.7.012	GFTFSSYA	54	ISYDGSNK	55	ARDVMVYCSSTSCYFYGMDV	56	QDIRDY	57	DAS	58	QQFENLPIT	59

Figura 3B

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.013	GYTLTELS	60	FDPEDGET	61	ATGGYSSGFNYYYYYMDV	62	QSLLYRNGNNY	63	LGS	64	MQALQTPPT	65
CPA.7.014	GYTLTELS	66	FDPEDGET	67	ATGVTTYYYYGMDV	68	QSLLYSNGNNF	69	LGS	70	MQALQTPPT	71
CPA.7.015	GFTFSSYG	72	IRYDGSNK	73	ARDLFDFWWDGMDV	74	QSVSSMY	75	GAS	76	QQYVSSPMYT	77
CPA.7.017	GGTFNNYG	78	IIPLFGTT	79	ARDRMAADGMAVFDY	80	SSNIGRHF	81	KND	82	SSWDAALNGVV	83
CPA.7.018	GYTLTELS	84	FDPEDGET	85	ATEVPMVRGARRYYYYMDV	86	QTLLYINENNY	87	LGS	88	MQGLQTPPT	89
CPA.7.019	GGSISNSNYY	90	IYYSGST	91	ARGAWELSLGDWFDP	92	SSNIGAGYD	93	GNN	94	QSYDSSLSVYVV	95
CPA.7.021	GFTFGTSS	96	ISFDGTEI	97	AKGSGNIYFYSGMDV	98	QSISGW	99	ETS	100	QQYYSYPLT	101
CPA.7.022	GYTLTELS	102	FDPEDGET	103	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	104	QSLLYSNGYNY	105	LGS	106	MQALQSPVT	107
CPA.7.023	GYTLTELS	108	FDPEDGET	109	ATDSRDGPAARGGYYYYMDV	110	QSLLYINGYNY	111	LGS	112	MQALQTPPT	113
CPA.7.024	GGTFSSYA	114	IIPIFGTA	115	ARDAYYYDSSGYYNPDAFDI	116	QSLLHSNGYNY	117	LGS	118	MQGLQTPRT	119

Figura 3

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.033	GGTFSSSA	120	IIPIYGIT	121	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	122	QDIDDD	123	EAS	124	LQHDNLPLT	125
CPA.7.034	GYTLTELS	126	FDPEDGET	127	ATEDPGPVAGPYYYYGMDV	128	QSLLYINGYHY	129	LGS	130	MQALQTPPT	131
CPA.7.036	GGTFSSSA	132	IIPIYGIT	133	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	134	QSLLDSDDGNTY	135	TLS	136	MQRLQFPLT	137
CPA.7.040	GYTLTELS	138	FDPEDGET	139	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	140	QSLLYRNGYNY	141	WGS	142	MQAVQNPPT	143
CPA.7.046	GGTFSSSA	144	IIPIYGIT	145	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	146	QTMNNY	147	DAS	148	QQYGDWLPIT	149
CPA.7.047	GYTLTELS	150	FDPEDGET	151	ATAFPEATISYYYYMDV	152	QSLLYRNGYNY	153	WGS	154	MQAVQNPPT	155
CPA.7.049	GGTFSSSA	156	IIPIYGIT	157	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	158	RSLLDSDDGNTH	159	SLS	160	MQRKEFPLT	161
CPA.7.050	GGTFSSYA	162	IIPIFGTA	163	ARGPWYYDSSGYSSYAYYMDV	164	QSLLHSDGYNY	165	LGS	166	MQALHTPGVT	167

Figura 4A

CPA.7.001

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADESTSTAYME LSSLRSEDTAVYYCAREEVSSPYGMDVWGQGTTVTVSS	168
vhCDR1	GGTFSSYA	169
vhCDR2	IIPIFGTA	170
vhCDR3	AREEVSSPYGMDV	171
HC de longitud completa	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADESTSTAYME LSSLRSEDTAVYYCAREEVSSPYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGAL TSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	172
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGTSTGAVTSGHYPYWFQQKPGQAPKTLIYDTGNKHSWTPARFSGSLLGGKAALTLSGAQPE DEADYYCLLSYSGASWVFGGGTKLTVLG	173
vlCDR1	TGAVTSGHY	174
vlCDR2	DTG	175
vlCDR3	LLSYSGASWV	176
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGTSTGAVTSGHYPYWFQQKPGQAPKTLIYDTGNKHSWTPARFSGSLLGGKAALTLSGAQPE DEADYYCLLSYSGASWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTT PSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	177

Figura 4B

CPA.7.003

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGFSLSHFSMHWVRQVPGKGLEWLGGFDPEEGGTIPAQKFQGRLTMTEDTST ETAYMELSSLRSEDTAVYYCATGIWYSSGWPVDYWGPGTLVTVSS	178
vhCDR1	GFSLSHFS	179
vhCDR2	FDPEEGGT	180
vhCDR3	ATGIWYSSGWPVDY	181
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADKSTST AYMELSSLRSEDTAVYYCARGPWYYDSSGYSSYAYYMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	182
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGGPASISCRSSQSLLDSSGYNYVDWYLQKPGQSPQLLISLGSDRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGIYYCMQALQTPITFGQGTRLEIKR	183
vlCDR1	QSLLDSSGYNY	184
vlCDR2	LGS	185
vlCDR3	MQALQTPIT	186
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGGPASISCRSSQSLLDSSGYNYVDWYLQKPGQSPQLLISLGSDRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGIYYCMQALQTPITFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNAL QSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	187

Figura 4C

CPA.7.004

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATVSRVRGVINYYYYMDV WGKGTTVTVSS	188
vhCDR1	GYTLTELS	189
vhCDR2	FDPEDGET	190
vhCDR3	ATVSRVRGVINYYYYMDV	191
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATVSRVRGVINYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVS VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	192
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGNNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGGGTKLEIKR	193
vlCDR1	QSLLYRNGNNY	194
vlCDR2	LGS	195
vlCDR3	MQALQTPPT	196
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGNNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGGGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	197

Figura 4D

CPA.7.006

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVRRPGSSVRVSCKPSGGTFGTYAFTWVRQAPGQGLEWMGGITPISATINRAQNLQDRLTITADESTT TVHMDLTSLRSEDTAVYYCARGFEYSDGLLDDWGQGTLVTVSS	198
vhCDR1	GGTFGTYA	199
vhCDR2	ITPISATI	200
vhCDR3	ARGFEYSDGLLDD	201
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVRRPGSSVRVSCKPSGGTFGTYAFTWVRQAPGQGLEWMGGITPISATINRAQNLQDRLTITADESTT TVHMDLTSLRSEDTAVYYCARGFEYSDGLLDDWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP ELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLH QDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	202
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQTPLSLPVIPGEPASISCRSSQSLFYSDDGNTYLDWYLQKPGQSPQLLIYRLSHRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQHMEFPLTFGGGTKVEIKR	203
vlCDR1	QSLFYSDDGNTY	204
vlCDR2	RLS	205
vlCDR3	MQHMEFPLT	206
Cadena ligera de longitud completa	DIVMTQTPLSLPVIPGEPASISCRSSQSLFYSDDGNTYLDWYLQKPGQSPQLLIYRLSHRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQHMEFPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	207

Figura 4E

CPA.7.008

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCVVSSGSISSTNWWTWVRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTSYNSSLKSRVTISEDKSKNQIS LRLSSVTAADTAVYYCARVGPAAIYYWGQGTLVTVSS	208
vhCDR1	SGSISSTNW	209
vhCDR2	IYHSGST	210
vhCDR3	ARVGPAAIYY	211
HC de longitud completa	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCVVSSGSISSTNWWTWVRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTSYNSSLKSRVTISEDKSKNQIS LRLSSVTAADTAVYYCARVGPAAIYYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWN SGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNG KEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPP VLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	212
Dominio variable ligero (vl)	QAGLTQPPSVSKGLRQTATLTCTGNSNNVGYEGAAWLQQHQGHAPKLLLYRNNNRPSGISKRFSASRSGNTASLTITG LQPEDEADYYCSAWDSSLNAVVFGGGTQLTVLG	213
vlCDR1	SNNVGYEG	214
vlCDR2	RNN	215
vlCDR3	SAWDSSLNAVV	216
Cadena ligera de longitud completa	QAGLTQPPSVSKGLRQTATLTCTGNSNNVGYEGAAWLQQHQGHAPKLLLYRNNNRPSGISKRFSASRSGNTASLTITG LQPEDEADYYCSAWDSSLNAVVFGGGTQLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADS SPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	217

Figura 4F

CPA.7.009

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATAKPGIAVAGQNYYYYYMDVWGKGTTVTVSS	218
vhCDR1	GYTLTELS	219
vhCDR2	FDPEDGET	220
vhCDR3	ATAKPGIAVAGQNYYYYYMDV	221
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATAKPGIAVAGQNYYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAL GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCD KTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNST YRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAV EWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	222
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGNNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGGGTKLEIKR	223
vlCDR1	QSLLYRNGNNY	224
vlCDR2	LGS	225
vlCDR3	MQALQTPPT	226
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGNNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGGGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	227

Figura 4G

CPA.7.010

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCASSPIGYSYGYWGGMDVWGQGTTVTVSS	228
vhCDR1	GFTFSSYA	229
vhCDR2	ISYDGSNK	230
vhCDR3	ASSPIGYSYGYWGGMDV	231
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCASSPIGYSYGYWGGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCP PCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNG QPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	232
Dominio variable ligero (vl)	QAVLTQPASLSASPGASASLTCTLRSGIDVRTNKIFWYQVKPGSPPQHLLTFQSDSDKQQGSGVPSRFSGSKDASANA GILIISGLQSEDEADYYCLIWHTSGWVFGGGTQLTVLG	233
vlCDR1	SGIDVRTNK	234
vlCDR2	FQSDSDK	235
vlCDR3	LIWHTSGWV	236
Cadena ligera de longitud completa	QAVLTQPASLSASPGASASLTCTLRSGIDVRTNKIFWYQVKPGSPPQHLLTFQSDSDKQQGSGVPSRFSGSKDASANA GILIISGLQSEDEADYYCLIWHTSGWVFGGGTQLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWK ADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	237

Figura 4H

CPA.7.011

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGPAAAGVGYYYYMDV WGKGTTVTVSS	238
vhCDR1	GYTLTELS	239
vhCDR2	FDPEDGET	240
vhCDR3	ATGPAAAGVGYYYYMDV	241
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGPAAAGVGYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVS VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	242
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGQGTKVEIKR	243
vlCDR1	QSLLYRNGYNY	244
vlCDR2	LGS	245
vlCDR3	MQALQTPPT	246
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	247

Figura 4I

CPA7.012

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDVMVYCSSTSCYFYGMDVWGQGTTVTVSS	248
vhCDR1	GFTFSSYA	249
vhCDR2	ISYDGSNK	250
vhCDR3	ARDVMVYCSSTSCYFYGMDV	251
HC de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDVMVYCSSTSCYFYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	252
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTVTCQASQDIRDYLNWYQKKPGKAPKLLIYDASNLEAGVPSRFSGSGSGTDFTFTISGLQ PEDVATYYCQQFENLPITFGQGTRLEIKR	253
vlCDR1	QDIRDY	254
vlCDR2	DAS	255
vlCDR3	QQFENLPIT	256
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTVTCQASQDIRDYLNWYQKKPGKAPKLLIYDASNLEAGVPSRFSGSGSGTDFTFTISGLQ PEDVATYYCQQFENLPITFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	257

Figura 4J

CPA.7.013

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGGYSSGFNYYYYYMDV WGKGTTVTVSS	258
vhCDR1	GYTLTELS	259
vhCDR2	FDPEDGET	260
vhCDR3	ATGGYSSGFNYYYYYMDV	261
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGGYSSGFNYYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVS VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	262
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGNNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGGGTKLEIKR	263
vlCDR1	QSLLYRNGNNY	264
vlCDR2	LGS	265
vlCDR3	MQALQTPPT	266
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGNNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGGGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	267

Figura 4K

CPA.7.014

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGVTTYYYYGMDVWGQGTTVTVSS	268
vhCDR1	GYTLTELS	269
vhCDR2	FDPEDGET	270
vhCDR3	ATGVTTYYYYGMDV	271
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGVTTYYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQ PENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	272
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYSNGNNFLDWYLQKPGQSPRLLISLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGIYYCMQALQTPPTFGQGTKVEIKR	273
vlCDR1	QSLLYSNGNNF	274
vlCDR2	LGS	275
vlCDR3	MQALQTPPT	276
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYSNGNNFLDWYLQKPGQSPRLLISLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGIYYCMQALQTPPTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNAL QSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	277

Figura 4L

CPA.7.015

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QITLKESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIRYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLFDFWWDGMDVWGQGTTVTVSS	278
vhCDR1	GFTFSSYG	279
vhCDR2	IRYDGSNK	280
vhCDR3	ARDLFDFWWDGMDV	281
HC de longitud completa	QITLKESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIRYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLFDFWWDGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQ PENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	282
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPGTLSLSPGEKATLSCRVSQSVSSMYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASYRATGIPDRFSGSGSGTDFNLTISRLEP EDFAVYYCQQYVSSPMYTFGLGTKLEIKR	283
vlCDR1	QSVSSMY	284
vlCDR2	GAS	285
vlCDR3	QQYVSSPMYT	286
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPGTLSLSPGEKATLSCRVSQSVSSMYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASYRATGIPDRFSGSGSGTDFNLTISRLEP EDFAVYYCQQYVSSPMYTFGLGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	287

Figura 4M

CPA.7.017

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFNNYGISWVRQAPGKGLEWMGQIIPLFGTTKYAQKFQGRVTIAADEPTS TAYMELGSLRSEDTAIYYCARDRMAADGMAVFDYWGQGTLVTVSS	288
vhCDR1	GGTFNNYG	289
vhCDR2	IIPLFGTT	290
vhCDR3	ARDRMAADGMAVFDY	291
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFNNYGISWVRQAPGKGLEWMGQIIPLFGTTKYAQKFQGRVTIAADEPTS TAYMELGSLRSEDTAIYYCARDRMAADGMAVFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYF PEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCP APELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVL HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQP ENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	292
Dominio variable ligero (vl)	QSVLTQPPSVSGTPGQKVIISCSGSSSNIGRHFVFWYQQLPGTAPKLLIYKNDERPSGVPDRFSGSKSGTSASLAVSGLRS EDEADYYCSSWDAALNGVVFGGGTKLTVLG	293
vlCDR1	SSNIGRHF	294
vlCDR2	KND	295
vlCDR3	SSWDAALNGVV	296
Cadena ligera de longitud completa	QSVLTQPPSVSGTPGQKVIISCSGSSSNIGRHFVFWYQQLPGTAPKLLIYKNDERPSGVPDRFSGSKSGTSASLAVSGLRS EDEADYYCSSWDAALNGVVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPV KAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	297

Figura 4N

CPA.7.018

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATEVPMVRGARRYYYYMDVWGKGTTVTVSS	298
vhCDR1	GYTLTELS	299
vhCDR2	FDPEDGET	300
vhCDR3	ATEVPMVRGARRYYYYMDV	301
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATEVPMVRGARRYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	302
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLFLAVTPGEPASISCRSSQTLLYINENNYLDWYVQKPGQSPQLLIYLGSTRASGVPDRFSGGGSGTDFTLTI SRVEAEDVGLYYCMQGLQTPPTFGQGTRLEIKR	303
vlCDR1	QTLLYINENNY	304
vlCDR2	LGS	305
vlCDR3	MQGLQTPPT	306
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLFLAVTPGEPASISCRSSQTLLYINENNYLDWYVQKPGQSPQLLIYLGSTRASGVPDRFSGGGSGTDFTLTI SRVEAEDVGLYYCMQGLQTPPTFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	307

Figura 4O

CPA.7.019

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQESGPGLVKSSETLSLTCSVSGGSISNSNYYWGWIRQPPGKGLEWIGGIYYSGSTYYNPSLESRVTISEDTSKNQIS LKLSSVTAADTAVYYCARGAWELSLGDWFDPWGPGTLVTVSS	308
vhCDR1	GGSISNSNYY	309
vhCDR2	IYYSGST	310
vhCDR3	ARGAWELSLGDWFDP	311
HC de longitud completa	QVQLQESGPGLVKSSETLSLTCSVSGGSISNSNYYWGWIRQPPGKGLEWIGGIYYSGSTYYNPSLESRVTISEDTSKNQIS LKLSSVTAADTAVYYCARGAWELSLGDWFDPWGPGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP ELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLH QDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	312
Dominio variable ligero (vl)	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDIQWYQQLPGTAPKLLIYGNNNRPSGVPDRFSGSRSGTSASLAITGL QAEDEADYYCQSYDSSLSVYVVFGGGTQLTVLG	313
vlCDR1	SSNIGAGYD	314
vlCDR2	GNN	315
vlCDR3	QSYDSSLSVYVV	316
Cadena ligera de longitud completa	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDIQWYQQLPGTAPKLLIYGNNNRPSGVPDRFSGSRSGTSASLAITGL QAEDEADYYCQSYDSSLSVYVVFGGGTQLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSS PVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	317

Figura 4P

CPA.7.021

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGVVKPGGSLRLSCAASGFTFGTSSMNWVRQAPGKGLEWVAVISFDGTEIHYADSVKGRFTISRDNSKST VFLQMNSLRPDDTALYYCAKGSGNIYFYSGMDVWGQGTTVTVSS	318
vhCDR1	GFTFGTSS	319
vhCDR2	ISFDGTEI	320
vhCDR3	AKGSGNIYFYSGMDV	321
HC de longitud completa	EVQLVESGGGVVKPGGSLRLSCAASGFTFGTSSMNWVRQAPGKGLEWVAVISFDGTEIHYADSVKGRFTISRDNSKST VFLQMNSLRPDDTALYYCAKGSGNIYFYSGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFP EPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCP APELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVL HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQP ENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	322
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSTLSASVGDRVTITCRAGQSISGWLAWFQQKPGKAPNLLIYETSTLESGVPSRFSGSGSGTEYTLTISSLQP DDFATYYCQQYYSYPLTFGQGTKVEIKR	323
vlCDR1	QSISGW	324
vlCDR2	ETS	325
vlCDR3	QQYYSYPLT	326
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSTLSASVGDRVTITCRAGQSISGWLAWFQQKPGKAPNLLIYETSTLESGVPSRFSGSGSGTEYTLTISSLQP DDFATYYCQQYYSYPLTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	327

Figura 4Q

CAP.7.022

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGVPAAIGVYYYYYYMDVWGKGTTVTVSS	328
vhCDR1	GYTLTELS	329
vhCDR2	FDPEDGET	330
vhCDR3	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	331
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGVPAAIGVYYYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	332
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLISLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQSPVTFGGGTKVEIKR	333
vlCDR1	QSLLYSNGYNY	334
vlCDR2	LGS	335
vlCDR3	MQALQSPVT	336
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLISLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQSPVTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	337

Figura 4R

CPA.7.023

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATDSRDGPAARGGYYYYMDVWGQGTTVTVSS	338
vhCDR1	GYTLTELS	339
vhCDR2	FDPEDGET	340
vhCDR3	ATDSRDGPAARGGYYYYMDV	341
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATDSRDGPAARGGYYYYMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALG CLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKT HTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	342
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLLYINGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGQGTKVEIKR	343
vlCDR1	QSLLYINGYNY	344
vlCDR2	LGS	345
vlCDR3	MQALQTPPT	346
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLLYINGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	347

Figura 4S

CPA.7.024

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADESTST AYMELSSLRSEDTAVYYCARDAYYYDSSGYYNPDAFDIWGQGTMVTVSS	348
vhCDR1	GGTFSSYA	349
vhCDR2	IIPIFGTA	350
vhCDR3	ARDAYYYDSSGYYNPDAFDI	351
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADESTST AYMELSSLRSEDTAVYYCARDAYYYDSSGYYNPDAFDIWGQGTMVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCP PCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVL TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNG QPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	352
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSSRASGVPDRFSGSVSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQGLQTPRTFGRGTKLEIKR	353
vlCDR1	QSLLHSNGYNY	354
vlCDR2	LGS	355
vlCDR3	MQGLQTPRT	356
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSSRASGVPDRFSGSVSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQGLQTPRTFGRGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	357

Figura 4T

CPA.7.033

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	358
vhCDR1	GGTFSSSA	359
vhCDR2	IIPIYGIT	360
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	361
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	362
Dominio variable ligero (vl)	ETTLTQSPAFMSATPGDEVNISCKASQDIDDDVSWYQQKPGGAPIFLIQEASTLVPGIPPRFSGSGFGTDFTLTIKNMES EDAAYYFCLQHDNLPLTFGGGTKVDIKR	363
vlCDR1	QDIDDD	364
vlCDR2	EAS	365
vlCDR3	LQHDNLPLT	366
Cadena ligera de longitud completa	ETTLTQSPAFMSATPGDEVNISCKASQDIDDDVSWYQQKPGGAPIFLIQEASTLVPGIPPRFSGSGFGTDFTLTIKNMES EDAAYYFCLQHDNLPLTFGGGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	367

Figura 4U

CPA.7.034

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATEDPGPVAGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSS	368
vhCDR1	GYTLTELS	369
vhCDR2	FDPEDGET	370
vhCDR3	ATEDPGPVAGPYYYYGMDV	371
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATEDPGPVAGPYYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	372
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLVLPVTPGEPASISCRSSQSLLYINGYHYLDWYVQRPGQSPQLLIFLGSTRASGVPDRFSGSGSGTDFTLEIS KVEAEDVGIYFCMQALQTPPTFGGGTKVEIKR	373
vlCDR1	QSLLYINGYHY	374
vlCDR2	LGS	375
vlCDR3	MQALQTPPT	376
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLVLPVTPGEPASISCRSSQSLLYINGYHYLDWYVQRPGQSPQLLIFLGSTRASGVPDRFSGSGSGTDFTLEIS KVEAEDVGIYFCMQALQTPPTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNAL QSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	377

Figura 4V

CPA.7.036

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	378
vhCDR1	GGTFSSSA	379
vhCDR2	IIPIYGIT	380
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	381
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	382
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASISCRPSQSLLDSDDGNTYLDWYLQKPGQSPQLLIHTLSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQRLQFPLTFGGGTKVEIKR	383
vlCDR1	QSLLDSDDGNTY	384
vlCDR2	TLS	385
vlCDR3	MQRLQFPLT	386
Cadena ligera de longitud completa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASISCRPSQSLLDSDDGNTYLDWYLQKPGQSPQLLIHTLSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQRLQFPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	387

Figura 4W

CPA.7.040

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGVPAAIGVYYYYYYMDVWGKGTTVTVSS	388
vhCDR1	GYTLTELS	389
vhCDR2	FDPEDGET	390
vhCDR3	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	391
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATGVPAAIGVYYYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	392
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYWGSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTLK ISRVEAEDVGVYYCMQAVQNPPTFGQGTKVDIKR	393
vlCDR1	QSLLYRNGYNY	394
vlCDR2	WGS	395
vlCDR3	MQAVQNPPT	396
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYWGSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTLK ISRVEAEDVGVYYCMQAVQNPPTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	397

Figura 4X

CPA.7.046

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	398
vhCDR1	GGTFSSSA	399
vhCDR2	IIPIYGIT	400
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	401
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	402
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPAFLSVTPGERVTLSCKASQTMNNYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASTRATDTPPRFSGSGSGTEFTLTISSV QSEDFALYYCQQYGDWLPITFGQGTRLEIKR	403
vlCDR1	QTMNNY	404
vlCDR2	DAS	405
vlCDR3	QQYGDWLPIT	406
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPAFLSVTPGERVTLSCKASQTMNNYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASTRATDTPPRFSGSGSGTEFTLTISSV QSEDFALYYCQQYGDWLPITFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQS GNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	407

Figura 4Y

CPA.7.047

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATAFPEATISYYYYMDVWGKGTTVTVSS	408
vhCDR1	GYTLTELS	409
vhCDR2	FDPEDGET	410
vhCDR3	ATAFPEATISYYYYMDV	411
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATAFPEATISYYYYMDVWGKGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKD YFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLT VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNG QPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	412
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYWGSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTLK ISRVEAEDVGVYYCMQAVQNPPTFGQGTKVEIKR	413
vlCDR1	QSLLYRNGYNY	414
vlCDR2	WGS	415
vlCDR3	MQAVQNPPT	416
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYWGSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTLK ISRVEAEDVGVYYCMQAVQNPPTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	417

Figura 4Z

CPA.7.049

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	418
vhCDR1	GGTFSSSA	419
vhCDR2	IIPIYGIT	420
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	421
HC de longitud completa	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	422
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASMSCRSSRSLLDSDDGNTHLDWYLQKPGQSPQLLIQSLSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTL EISRVEAEDVGIYYCMQRKEFPLTFGGGTKVEIKR	423
vlCDR1	RSLLDSDDGNTH	424
vlCDR2	SLS	425
vlCDR3	MQRKEFPLT	426
Cadena ligera de longitud completa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASMSCRSSRSLLDSDDGNTHLDWYLQKPGQSPQLLIQSLSYRASGVPDRFSGSGSGTDFTL EISRVEAEDVGIYYCMQRKEFPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	427

Figura 4AA

CPA.7.050

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADKSTST AYMELSSLRSEDTAVYYCARGPWYYDSSGYSSYAYYMDVWGQGTTVTVSS	428
vhCDR1	GGTFSSYA	429
vhCDR2	IIPIFGTA	430
vhCDR3	ARGPWYYDSSGYSSYAYYMDV	431
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADKSTST AYMELSSLRSEDTAVYYCARGPWYYDSSGYSSYAYYMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	432
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSDGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALHTPGVTFGGGTKVEIKR	433
vlCDR1	QSLLHSDGYNY	434
vlCDR2	LGS	435
vlCDR3	MQALHTPGVT	436
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSDGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALHTPGVTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	437

Figura 5A

CPA.7.028

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVTGGSISSSSYYWAWIRQPPGKGLEWIGGIYYSGSTYYNVSLESRVTISQDTSKNQFS LKLTSVTAADTAVYYCARGAWELRLGDWFDPWGQGTLVTVSS	438
vhCDR1	GGSISSSSYY	439
vhCDR2	IYYSGST	440
vhCDR3	ARGAWELRLGDWFDP	441
HC de longitud completa	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVTGGSISSSSYYWAWIRQPPGKGLEWIGGIYYSGSTYYNVSLESRVTISQDTSKNQFS LKLTSVTAADTAVYYCARGAWELRLGDWFDPWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP ELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLH QDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	442
Dominio variable ligero (vl)	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDIQWYQQLPGTAPKLLIYGYSNRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAITGL QAEDEADYYCQSYDSSLSVYVVFGGGTQLTVLGQPKAA	443
vlCDR1	SSNIGAGYD	444
vlCDR2	GYS	445
vlCDR3	QSYDSSLSVYVV	446
Cadena ligera de longitud completa	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDIQWYQQLPGTAPKLLIYGYSNRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAITGL QAEDEADYYCQSYDSSLSVYVVFGGGTQLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSS PVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	447

Figura 5B

CPA.7.030

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQESGGGVVQPGGSLRLSCAASRFTFEDYAMHWVRQPPGKGLEWVSGISWKSGGINYADSVKGRFTISRDNAQ NSLYLQMNSLRAEDTALYYCVKDPTLVATDRAFNIWGQGTMVTVSS	448
vhCDR1	RFTFEDYA	449
vhCDR2	ISWKSGGI	450
vhCDR3	VKDPTLVATDRAFNI	451
HC de longitud completa	QVQLQESGGGVVQPGGSLRLSCAASRFTFEDYAMHWVRQPPGKGLEWVSGISWKSGGINYADSVKGRFTISRDNAQ NSLYLQMNSLRAEDTALYYCVKDPTLVATDRAFNIWGQGTMVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQ PENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	452
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQYLQTPDTFGQGTKLEIKRAAPS	453
vlCDR1	QSLLHSNGYNY	454
vlCDR2	LGS	455
vlCDR3	MQYLQTPDT	456
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQYLQTPDTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	457

Figura 5C

CPA.7.041

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	458
vhCDR1	GGTFSSSA	459
vhCDR2	IIPIYGIT	460
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	461
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	462
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQNIDSSLHWYQQKPGQSPKLLINYASQSFSGVPSRFSGSGSGTDFTLTIDSLEPE DAATYFCHQSSSLPLTFGGGTKVEIRRTVAAPS	463
vlCDR1	QNIDSS	464
vlCDR2	YAS	465
vlCDR3	HQSSSLPLT	466
Cadena ligera de longitud completa	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDIQWYQQLPGTAPKLLIYGYSNRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAITGL QAEDEADYYCQSYDSSLSVYVVFGGGTQLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSS PVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	467

Figura 5D

CPA.7.016

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKTSGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTSTA YMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	468
vhCDR1	GGTFSSSA	469
vhCDR2	IIPIYGIT	470
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	471
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKTSGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTSTA YMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	472
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYDDWPQTFGQGTRLEIKRTVAAPS	473
vlCDR1	QSVSSY	474
vlCDR2	DAS	475
vlCDR3	QQYDDWPQT	476
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYDDWPQTFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	477

Figura 5E

CPA.7.020

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDES TSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	478
vhCDR1	GGTFSSSA	479
vhCDR2	IIPIYGIT	480
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	481
HC de longitud completa	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDES TSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKP REEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTC LVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL SLSPGK	482
Dominio variable ligero (vl)	EIVMTQSPATLSLSTGERATLFCRTSQNVYGEVAWYQQKPGQAPRLLIYDTFERAAGIPAKFSGSGSGTDFTLTISR VEPEDFAVYYCQQRRDWPITFGQGTRLEIKRTVAAPS	483
vlCDR1	QNVYGE	484
vlCDR2	DTF	485
vlCDR3	QQRRDWPIT	486
Cadena ligera de longitud completa	EIVMTQSPATLSLSTGERATLFCRTSQNVYGEVAWYQQKPGQAPRLLIYDTFERAAGIPAKFSGSGSGTDFTLTISR VEPEDFAVYYCQQRRDWPITFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	487

Figura 5F

CPA.7.038

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	488
vhCDR1	GGTFSSSA	489
vhCDR2	IIPIYGIT	490
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	491
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	492
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASRDISDSLSWYQQKPGKAPKLLIFDASNLKTGVSSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPE DIATYYCHQYDNLPLTFGGGTKVEIKRTVAAPS	493
vlCDR1	RDISDS	494
vlCDR2	DAS	495
vlCDR3	HQYDNLPLT	496
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASRDISDSLSWYQQKPGKAPKLLIFDASNLKTGVSSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPE DIATYYCHQYDNLPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQ ESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	497

Figura 5G

CPA.7.044

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSS	498
vhCDR1	GGTFSSSA	499
vhCDR2	IIPIYGIT	500
vhCDR3	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	501
HC de longitud completa	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSSAISWVRQAPGQGFEWMGGIIPIYGITDYAQKFQGRVTITTDESTST AYMELSSLTSEDTAVYYCARDDTARRVRGVPYYYYYAMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTH TCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	502
Dominio variable ligero (vl)	EIVMTQSPATLSLSPGERATLSCRASESVTTFLAWYQQKPGQAPRLLITDASNRATGIPGRFSGSGSGTDFTLTISSLEPE DFAVYYCHQHTNWPLTFGGGTKLEIKRTVAAPS	503
vlCDR1	ESVTTF	504
vlCDR2	DAS	505
vlCDR3	HQHTNWPLT	506
Cadena ligera de longitud completa	EIVMTQSPATLSLSPGERATLSCRASESVTTFLAWYQQKPGQAPRLLITDASNRATGIPGRFSGSGSGTDFTLTISSLEPE DFAVYYCHQHTNWPLTFGGGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	507

Figura 5H

CPA.7.045

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATEVGYCSGGSCYISYYYGMDVWGQGTTVTVSS	508
vhCDR1	GYTLTELS	509
vhCDR2	FDPEDGET	510
vhCDR3	ATEVGYCSGGSCYISYYYGMDV	511
HC de longitud completa	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLTELSMHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVTMTEDTS TDTAYMELSSLRSEDTAVYYCATEVGYCSGGSCYISYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAL GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDK THTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	512
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGHNFLDWYVQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGQGTKLEIKRTVAAPS	513
vlCDR1	QSLLYRNGHNF	514
vlCDR2	LGS	515
vlCDR3	MQALQTPPT	516
Cadena ligera de longitud completa	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLYRNGHNFLDWYVQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCMQALQTPPTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNA LQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	517

Figura 6A

CDR

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.001	GGTFSSYA	518	IIPIFGTA	519	AREEVSSPYGMDV	520	TGAVTSGHY	521	DTG	522	LLSYSGASWV	523
CPA.7.002	GGTFSSSA	524	IIPIYGIT	525	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	526	QGIGNY	527	SAS	528	QQLKDYPIT	529
CPA.7.003	GFSLSHFS	530	FDPEEGGT	531	ATGIWYSSGWPVDY	532	QSLLDSSGYNY	533	LGS	534	MQALQTPIT	535
CPA.7.004	GYTLTELS	536	FDPEDGET	537	ATVSRVRGVINYYYYMDV	538	QSLLYRNGNNY	539	LGS	540	MQALQTPPT	541
CPA.7.005	GGTFSSSA	542	IIPIYGIT	543	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	544	QSVDSS	545	DAS	546	QQYKDWPFT	547
CPA.7.006	GGTFGTYA	548	ITPISATI	549	ARGFEYSDGLLDD	550	QSLFYSDDGNTY	551	RLS	552	MQHMEFPLT	553
CPA.7.007	GGSISSSSYY	554	IYYSGST	555	ARGAWELRLGDWFDP	556	SSNIGAGYD	557	GNN	558	QSYDSSLSIYVV	559
CPA.7.008	SGSISSTNW	560	IYHSGST	561	ARVGPAAIYY	562	SNNVGYEG	563	RNN	564	SAWDSSLNAVV	565
CPA.7.009	GYTLTELS	566	FDPEDGET	567	ATAKPGIAVAGQNYYYYYMDV	568	QSLLYRNGNNY	569	LGS	570	MQALQTPPT	571

Figura 6B

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.010	GFTFSSYA	572	ISYDGSNK	573	ASSPIGYSYGYWGGMDV	574	SGIDVRTNK	575	FQSDSDK	576	LIWHTSGWV	577
CPA.7.011	GYTLTELS	578	FDPEDGET	579	ATGPAAAGVGYYYYMDV	580	QSLLYRNGYNY	581	LGS	582	MQALQTPPT	583
CPA.7.012	GFTFSSYA	584	ISYDGSNK	585	ARDVMVYCSSTSCYFYGMDV	586	QDIRDY	587	DAS	588	QQFENLPIT	589
CPA.7.013	GYTLTELS	590	FDPEDGET	591	ATGGYSSGFNYYYYYMDV	592	QSLLYRNGNNY	593	LGS	594	MQALQTPPT	595

Figura 6C

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr 2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.014	GYTLTELS	596	FDPEDGET	597	ATGVTTYYYYGMDV	598	QSLLYSNGNNF	599	LGS	600	MQALQTPPT	601
CPA.7.015	GFTFSSYG	602	IRYDGSNK	603	ARDLFDFWWDGMDV	604	QSVSSMY	605	GAS	606	QQYVSSPMYT	607
CPA.7.016	GGTFSSSA	608	IIPIYGIT	609	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	610	QSVSSY	611	DAS	612	QQYDDWPQT	613
CPA.7.017	GGTFNNYG	614	IIPLFGTT	615	ARDRMAADGMAVFDY	616	SSNIGRHF	617	KND	618	SSWDAALNGVV	619
CPA.7.018	GYTLTELS	620	FDPEDGET	621	ATEVPMVRGARRYYYYMDV	622	QTLLYINENNY	623	LGS	624	MQGLQTPPT	625
CPA.7.019	GGSISNSNYY	626	IYYSGST	627	ARGAWELSLGDWFDP	628	SSNIGAGYD	629	GNN	630	QSYDSSLSVYVV	631
CPA.7.020	GGTFSSSA	632	IIPIYGIT	633	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	634	QNVYGE	635	DTF	636	QQRRDWPIT	637
CPA.7.021	GFTFGTSS	638	ISFDGTEI	639	AKGSGNIYFYSGMDV	640	QSISGW	641	ETS	642	QQYYSYPLT	643
CPA.7.022	GYTLTELS	644	FDPEDGET	645	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	646	QSLLYSNGYNY	647	LGS	648	MQALQSPVT	649
CPA.7.023	GYTLTELS	650	FDPEDGET	651	ATDSRDGPAARGGYYYYMDV	652	QSLLYINGYNY	653	LGS	654	MQALQTPPT	655
CPA.7.024	GGTFSSYA	656	IIPIFGTA	657	ARDAYYYDSSGYYNPDAFDI	658	QSLLHSNGYNY	659	LGS	660	MQGLQTPRT	661

Figura 6D

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr 2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.025	GFSLTSGG MS	662	IDWNDD K	663	ARIRGMTWGFDS	664	QSVSSSY	665	GAS	666	QQYGTTPF A	667
CPA.7.026	GYTFTAYY	668	INPNSGG T	669	ARDGAFYYGSENYYNAG WFDP	670	QSLLSGNGYN Y	671	LGS	672	MQALKSPL T	673
CPA.7.027	GYTFTNYY	674	INPSGGIT	675	ARAGLGYNWNYAPSGM DV	676	SSDVGGYNY	677	EVS	678	SSYAGSNNL V	679
CPA.7.028	GGSISSSS YY	680	IYYSGST	681	ARGAWELRLGDWFDP	682	SSNIGAGYD	683	GYS	684	QSYDSSLSV YVV	685

Figura 6E

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.029	GFTFDDYA	686	ISWNSGSI	687	AKDVNRILVAGMVDY	688	QSLLHSNGYNY	689	LGS	690	MQGLQTPIT	691
CPA.7.030	RFTFEDYA	692	ISWKSGGI	693	VKDPTLVATDRAFNI	694	QSLLHSNGYNY	695	LGS	696	MQYLQTPDT	697
CPA.7.031	GGTFSSSA	698	IIPIYGIT	699	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	700	QSLLDSDDGNIH	701	TLS	702	MQRKEFPLT	703
CPA.7.032	GFTFSSYG	704	ISYDGSNK	705	AKEDRLRFLEWLFYGMDV	706	HDIYTY	707	DAS	708	QQYDNHPPEVT	709
CPA.7.033	GGTFSSSA	710	IIPIYGIT	711	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	712	QDIDDD	713	EAS	714	LQHDNLPLT	715
CPA.7.034	GYTLTELS	716	FDPEDGET	717	ATEDPGPVAGPYYYYGMDV	718	QSLLYINGYHY	719	LGS	720	MQALQTPPT	721
CPA.7.035	GYMFTNYP	722	INAGTGNT	723	AREGMFYYGLESYYKGGWFDP	724	QSLLHRNGYNY	725	LAS	726	MQALQTPLT	727
CPA.7.036	GGTFSSSA	728	IIPIYGIT	729	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	730	QSLLDSDDGNTY	731	TLS	732	MQRLQFPLT	
CPA.7.037	TYTFTTYY	734	IYPSGGNT	735	VRDQNYYYSAMDV	736	QDIRNY	737	DAS	738	QQFENLPIT	739
CPA.7.038	GGTFSSSA	740	IIPIYGIT	741	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	742	RDISDS	743	DAS	744	HQYDNLPLT	745

Figura 6F

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.039	GFNFRGYA	746	ISGSGGTT	747	AQSYAQIGYGGHIDH	748	SGIDVATYM	749	YKSDSDK	750	LIWHGSHYV	751
CPA.7.040	GYTLTELS	752	FDPEDGET	753	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	754	QSLLYRNGYNY	755	WGS	756	MQAVQNPPT	757
CPA.7.041	GGTFSSSA	758	IIPIYGIT	759	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	760	QNIDSS	761	YAS	762	HQSSSLPLT	763
CPA.7.042	GGTFSSSA	764	IIPIYGIT	765	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	766	QSVYNNY	767	DAS	768	QQYNSWPPYT	769
CPA.7.043	GGTFSSYA	770	IIPIFGTA	771	ARDAYYYDSSGYYNPDAFDI	772	QSLLYSNGYNY	773	LGS	774	MQARQTPYT	775

Figura 6G

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr 2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.044	GGTFSSSA	776	IIPIYGI T	777	ARDDTARRVRGVPYYYYYA MDV	778	ESVTTF	779	DAS	780	HQHTNWP LT	781
CPA.7.045	GYTLTELS	782	FDPED GET	783	ATEVGYCSGGSCYISYYYG MDV	784	QSLLYRNGHN F	785	LGS	786	MQALQTP PT	787
CPA.7.046	GGTFSSSA	788	IIPIYGI T	789	ARDDTARRVRGVPYYYYYA MDV	790	QTMNNY	791	DAS	792	QQYGDWL PIT	793
CPA.7.047	GYTLTELS	794	FDPED GET	795	ATAFPEATISYYYYMDV	796	QSLLYRNGYN Y	797	WGS	798	MQAVQNP PT	799
CPA.7.049	GGTFSSSA	800	IIPIYGI T	801	ARDDTARRVRGVPYYYYYA MDV	802	RSLLDSDDGN TH	803	SLS	804	MQRKEFPL T	805
CPA.7.050	GGTFSSYA	806	IIPIFG TA	807	ARGPWYYDSSGYSSYAYY MDV	808	QSLLHSDGYN Y	809	LGS	810	MQALHTP GVT	811

Figura 7A

CHA.7.502

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	DVQLVESGGDLVQPGGSRKLSCTASGFTFSNFGMHWVRQAPEKGLEWVAYISSGSSTIYYADTVKGRFTISRDNPENTLFLQMTSLRSEDTAMYYCTRLDYYTNSYSMDHWGQGTSVTVSS	812
vhCDR1	GFTFSNFG	813
vhCDR2	ISSGSSTI	814
vhCDR3	TRLDYYTNSYSMDH	815
Dominio variable ligero (vl)	QIVLTQSPALMSASPGEKVTLTCSASSSLPYIYWYQQKPGSSPKPWIYLTSNLASGVPARFSGSRSGTSYSLTISSVEAEDAATYYCQQWSSNPFTFGSGTKLEIK	816
vlCDR1	SSLPY	817
vlCDR2	LTS	818
vlCDR3	QQWSSNPFT	819

Figura 7B

CHA.7.503

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGAELAKPGASVKMSCKASGYTFTSNWMHWVKQRPGQGLEWIGYINPSNGYTECNQKFRDKATLSADKSSSTAYMQLNSLTSADSAVYYCALMISAWLPYWGQGTLVTVSA	820
vhCDR1	GYTFTSNW	821
vhCDR2	INPSNGYT	822
vhCDR3	ALMISAWLPY	823
Dominio variable ligero (vl)	DIVLTQSPASLAISLGQRATISCRASQSVSASSYSYVHWYQQKPGQPPKLLIKYASSLESGVPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDTATYYCLHTWEIPYTFGGGTKLEIK	824
vlCDR1	QSVSASSYSY	825
vlCDR2	YAS	826
vlCDR3	LHTWEIPYT	827

Figura 7C

CHA.7.506

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGAELTRPGASVNLSCKASGYTFTSYWMQWVKQRPGQGLEWIGAIYPG DGDTRFNQKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYYCATYYRYDDYWGQGT TLTVSS	828
vhCDR1	GYTFTSYW	829
vhCDR2	IYPGDGDT	830
vhCDR3	ATYYRYDDY	831
Dominio variable ligero (vl)	QIVLTQSPAIMSASPGEKVTMTCSASSSVSYMHWYQQKSGTSPKRWIYDTSKLASG VPTRFSGSGSGTSYSLTISSMEAEDAATYYCQQWSSNPYTFGGGTKLEIK	832
vlCDR1	SSVSY	833
vlCDR2	DTS	834
vlCDR3	QQWSSNPYT	835

Figura 7D

CHA.7.508

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPDLVKPGASMKISCKASGYTFIDYNIHWVKQSQGKSLDWIGYIYPYNG GTGYNQKFKNKATLTVDSSSSTAYMEVRSLTFEDSAVYFCAREADYYGNRGQFDYW GQGTLVTVSA	836
vhCDR1	GYTFIDYN	837
vhCDR2	IYPYNGGT	838
vhCDR3	AREADYYGNRGQFDY	839
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSVSVGETVTITCRASENIFSNLAWYQQKQGKSPQLLVYGEANLAD GVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQSEDFGNYYCQHFWGTPYTFGGGTTLEIK	840
vlCDR1	ENIFSN	841
vlCDR2	GEA	842
vlCDR3	QHFWGTPYT	843

Figura 7E

CHA.7.510

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVTLKESGPGILQPSQTLSLTCSFSGFSLNTSGTGVGWIRQPSGKGLEWLTHIWWNDNKFYNTFLKSRLTISKETSNNQVFLKIASVDTADAATYYCARMAYGNLWFVNWGQGTLVAVST	844
vhCDR1	GFSLNTSGTG	845
vhCDR2	IWWNDNK	846
vhCDR3	ARMAYGNLWFVN	847
Dominio variable ligero (vl)	DIVLTQSPASLAVSLGQRASISCRASRSVTISGYSYMYWYQQKPGQPPRLLFYLASNLASGVPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEEEDAAIYYCQHSRELPYTFGGGTKLEIK	848
vlCDR1	RSVTISGYSY	849
vlCDR2	LAS	850
vlCDR3	QHSRELPYT	851

Figura 7F

CHA.7.512

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QIQLVQSGPELKKPRETVKISCKASGYTFTDYSMHWVKQAPGKGLKWMGWINTETGEPTYADDFKGRFAFSLEASASSAYLQINILKDEDTATYFCARSRGGYYEDYYALDYWGQGTSVTVSS	852
vhCDR1	GYTFTDYS	853
vhCDR2	INTETGEP	854
vhCDR3	ARSRGGYYEDYYALDY	855
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSASVGESVTITCRASGNIHYYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKNLADGVPSRFSGSGSGTQFSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWISPPTFGGGTKLEIK	856
vlCDR1	GNIHYY	857
vlCDR2	NAK	858
vlCDR3	QHFWISPPT	859

Figura 7G

CHA.7.514

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLRQSGADLVKPGASVKLSCTASGFNIKDTYIDWVKQRPEQGLDWIGRIDPANGNTKYDPKFQGKATIITDTSSNTAYLQLSNLTSEDTAVYYCARYGSYPYFDYWGRGTTLAVSS	860
vhCDR1	GFNIKDTY	861
vhCDR2	IDPANGNT	862
vhCDR3	ARYGSYPYFDY	863
Dominio variable ligero (vl)	SIVMTQTPKFLLISAGDRVTITCKASQSVRNDVAWYQQKPGQSPKLLMYYASNRYTGVPDRFTGSGYGTDFTFTISTVQAEDLAVYFCQQDYSSPPTFGGGTKLEIK	864
vlCDR1	QSVRND	865
vlCDR2	YAS	866
vlCDR3	QQDYSSPPT	867

Figura 7H

CHA.7.516

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGPELVRPGVSVKISCKVSGYTFTDYVMHWVKQSHAKSLEWIGIISPYSGNTNYNQNFKGKATMTVDKSSSTAYMALARLTSEDSAIYYCAREGDLPMFAYWGQGTLVTVSA	868
vhCDR1	GYTFTDYV	869
vhCDR2	ISPYSGNT	870
vhCDR3	AREGDLPMFAY	871
Dominio variable ligero (vl)	QIVLTQSPTIMSASPGEKVTMTCSASSSVSYIYWYQQNPGSSPRLLIYDTSILASGVPFRFSGSGSGTSYSLTISRMEAEDAATYYCQQWTSYPLTFGSGTKLELK	872
vlCDR1	SSVSY	873
vlCDR2	DTS	874
vlCDR3	QQWTSYPLT	875

Figura 7I

CHA.7.518

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKASGYTFTDYNINWVKQSHGKSLEWIGYIYPYIGGS GYNQKFKSKATLSADNPSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCAREDKTARNAMDYWGQG TPVTVSS	876
vhCDR1	GYTFTDYN	877
vhCDR2	IYPYIGGS	878
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	879
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSVSVGETVTIICRVSENIYSNLAWYQQKQGKSPQLLVYEATNLAEG VPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQSEDFGSYYCQHFWGTPYTFGGGTKLEIK	880
vlCDR1	ENIYSN	881
vlCDR2	EAT	882
vlCDR3	QHFWGTPYT	883

Figura 7J

CHA.7.520_1

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	DVQLQESGPGLVKPSQSLSLTCTVTGYSITSDYAWNWIRQFPGNKLEWMGYISYSGSTSYNPSLKSRISITRDTSKNQFFLQLNSVTTEDTATYYCARHYRYPPYAMDYWGQGTSVTVSS	884
vhCDR1	GYSITSDYA	885
vhCDR2	ISYSGST	886
vhCDR3	ARHYRYPPYAMDY	887
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSPSSLAMSVGQKVTMSCKSSQSLLNSSNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLVYFASTRESGVPDRFIGSGSGTDFTLTITSVQAEDLADYFCQQHYSTPFTFGSGTKLEIK	888
vlCDR1	QSLLNSSNQKNY	889
vlCDR2	FAS	890
vlCDR3	QQHYSTPFT	891

Figura 7K

CHA.7.520_2

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLKQSGPGLVQPSQSLSITCTVSGFSLTSFGVHWVRQSPGKGLEWLGVIWSGGTTVYDAAFISRLSISKDNSKSQVFFKMNSLQTNDTAIYYCARKRGNFYVMDYWGQGTSVTVSS	892
vhCDR1	GFSLTSFG	893
vhCDR2	IWSGGTT	894
vhCDR3	ARKRGNFYVMDY	895
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSPSSLAMSVGQKVTMSCKSSQSLLNSSNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLVYFASTRESGVPDRFIGSGSGTDFTLTITSVQAEDLADYFCQQHYSTPFTFGSGTKLEIK	896
vlCDR1	QSLLNSSNQKNY	897
vlCDR2	FAS	898
vlCDR3	QQHYSTPFT	899

Figura 7L

CHA.7.522

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQPGSELVRPGTSVKLSCKASGYTFTSYWVHWVRQRHGQGLEWIGNVYPG SGSTNYDEKFKSKGTLTVDTSSSTAYMHLSSLTSEDSAVYYCTRGVLRFPLDYWGQG TTLTVSS	900
vhCDR1	GYTFTSYW	901
vhCDR2	VYPGSGST	902
vhCDR3	TRGVLRFPLDY	903
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQAAPSVPVTPGESVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWFLQRPGQSPHLLIYRMS NLASGVPDRFSGSGSGTAFTLRISRVEAEDVGVYYCMQHLEYPLTFGAGTKLELK	904
vlCDR1	KSLLHSNGNTY	905
vlCDR2	RMS	906
vlCDR3	MQHLEYPLT	907

Figura 7M

CHA.7.524

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGPEVVRPGVSVKISCKGSGYKFPDYVMHWVKQSHAKSLEWIGIISIYSGNTNYNQKFKGKATMTVDKSSSTAYMELARLTSEDSAIYYCAREGDLPMFAYWGQGTLVTVSA	908
vhCDR1	GYKFPDYV	909
vhCDR2	ISIYSGNT	910
vhCDR3	AREGDLPMFAY	911
Dominio variable ligero (vl)	QIVLTQSPAIMSASPGEKVTMTCNASSSVSYMYWYQQKPISSPRLLIYDTSNLASGVPVRFSGSGSGTSYSLTIGRMEAEDAATYYCQQWSSYPLTFGAGTKVEVK	912
vlCDR1	SSVSY	913
vlCDR2	DTS	914
vlCDR3	QQWSSYPLT	915

Figura 7N

CHA.7.526

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLKESGPGLVAPSQSLSITCTVSGFSLTAYNINWVRQPPGKGLEWLGMIWGDG NTDYNSPLKSRLTISKDNSKSQVFLKMDSLQTDDTARYYCARDLKVRRDSPYTMDY WGQGTSVTVSS	916
vhCDR1	GFSLTAYN	917
vhCDR2	IWGDGNT	918
vhCDR3	ARDLKVRRDSPYTMDY	919
Dominio variable ligero (vl)	NIMMTQSPSSLAVSAGEKVTMSCKSSQSVLYSSNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIY WASNRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLAVYYCHQYLSSYTFGGGTKLEIK	920
vlCDR1	QSVLYSSNQKNY	921
vlCDR2	WAS	922
vlCDR3	HQYLSSYT	923

Figura 7O

CHA.7.527

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	DVQLQESGPGLVKPSQSLSLTCTVTGYSLTSDYAWNWIRQFPGNKLEWMGYITYSGGTTYNPSLKSRISITRDTSKNQFFLQLTSVTTEDTATYYCARRGSGTTVVGDWYFDVWGAGTTVTVSS	924
vhCDR1	GYSLTSDYA	925
vhCDR2	ITYSGGT	926
vhCDR3	ARRGSGTTVVGDWYFDV	927
Dominio variable ligero (vl)	DIVMSQSPSSLAVSVGEKVTMSCKSSQSLLYSFNQKYYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTPTISSVTAEDLAVYYCQQFYTYPYTFGGGTKLEMK	928
vlCDR1	QSLLYSFNQKYY	929
vlCDR2	WAS	930
vlCDR3	QQFYTYPYT	931

Figura 7P

CHA.7.528

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQVQQSGPELVKPGASVKISCKASGYTFTKSNMHWVKQSHGKSLEWIGYIYPYNG GTGYNQNFKSKATLTVDISSSTAYMELRSLTLEDSAVYLCAREADYYGNRGQFDYW GQGTLVTVSA	932
vhCDR1	GYTFTKSN	933
vhCDR2	IYPYNGGT	934
vhCDR3	AREADYYGNRGQFDY	935
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSVSVGETVTITCRASDNIFSNLAWYHQKQGKSPHLLVYGATNLAD GVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQSEDFGDYYCQHFWGTPYTFGGGTKLEIK	936
vlCDR1	DNIFSN	937
vlCDR2	GAT	938
vlCDR3	QHFWGTPYT	939

Figura 7Q

CHA.7.530

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGAELMRPGTSVKVSCKASGYAFTNHLIEWIKQRPGQGLEWIGVINPGSDSTDYNEKFKDKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSDDSAVYFCARSLYYNSWFVYWGQGTLVTVSA	940
vhCDR1	GYAFTNHL	941
vhCDR2	INPGSDST	942
vhCDR3	ARSLYYNSWFVY	943
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASENIYSYLAWYQQKRGKSPQLLVYNAKTLVEGVPSRFSGSGSGTQFSLKINSLQPEDFGSYYCQHHYGTPYTFGGGTKLEIK	944
vlCDR1	ENIYSY	945
vlCDR2	NAK	946
vlCDR3	QHHYGTPYT	947

Figura 7R

CHA.7.534

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGAELVKPGASVRLSCTASGFSIRDTYIHWVKQRPEQGLDWIGKIDPANGKSEYDPKFQGRATMTTDTSSNTAYLQLSSLTSEDTAVYYCTRYGYYPYFDVWGAGTTVTVFS	948
vhCDR1	GFSIRDTY	949
vhCDR2	IDPANGKS	950
vhCDR3	TRYGYYPYFDV	951
Dominio variable ligero (vl)	SIVMTQTPKFLLVSAGDRVAITCKASQSVRHDVVWYQQKPGQSPKLLIYYASSRYTGVPDRFTGSGYGTDFTFTISTVQAEDLALYFCLQDFSSPWTFGGGTKLEIK	952
vlCDR1	QSVRHD	953
vlCDR2	YAS	954
vlCDR3	LQDFSSPWT	955

Figura 7S

CHA.7.535

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKTSGYTFTKNTMHWVRQSHGKSLEWIGGINPNSGGASFNQKFMGKATLTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCARDGYDGDWFFDVWGAGTTVTVSS	956
vhCDR1	GYTFTKNT	957
vhCDR2	INPNSGGA	958
vhCDR3	ARDGYDGDWFFDV	959
Dominio variable ligero (vl)	DIQMNQSPFSLSASLGDTVTITCHASQNIYVWLSWYQQKPGNIPKLLIYKASDLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSLQPEDIATYYCQQGQSYPRTFGGGTKLEIK	960
vlCDR1	QNIYVW	961
vlCDR2	KAS	962
vlCDR3	QQGQSYPRT	963

Figura 7T

CHA.7.537

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLKESGPGLVAPSQSLSITCTVSGFSLIGHGVNWIRQPPGKGLEWLGVIWGDGNTDYNSALKSRLSISKDNSKSQVFLKMNSLQTDDTARYFCAVNSAMDYWGQGTAVTVSS	964
vhCDR1	GFSLIGHG	965
vhCDR2	IWGDGNT	966
vhCDR3	AVNSAMDY	967
Dominio variable ligero (vl)	NIVMTQSPKSMSMSVGERVTLNCTASENVASFVSWYQQKPEQSPKLLIYGTSNRYTGVPDRFTGSGSATDFTLTISSVQAEDLGDYHCGQSYNYPFTFGSGTKLEIE	968
vlCDR1	ENVASF	969
vlCDR2	GTS	970
vlCDR3	GQSYNYPFT	971

Figura 7U

CHA.7.538_1

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGAELVRPGASVKVSCKTSGYAFTNYLIEWVKQRPGQGLEWIGVINPGSGGIYYNDKFKVKTTLTADKSSSTAYMQLSSLTSDDSAVYFCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSA	972
vhCDR1	GYAFTNYL	973
vhCDR2	INPGSGGI	974
vhCDR3	ARSETHDTWFAY	975
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSQKFISTSVGDRVSITCKASQSVRIAVAWFQQKPGQSPKALIYLASTRHTGVPDRFTGSGSGTDFTLTISNVQSEDLADYFCLQHWNYPYTFGGGTKLEIKR	976
vlCDR1	QSVRIA	977
vlCDR2	LAS	978
vlCDR3	LQHWNYPYT	979

Figura 7V

CHA.7.538_2

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQSGAELVRPGTSVKMSCKAAGYTFTNYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIYPG GGYTNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCASPYYGSSYGFAFWG QGTLVTVSA	980
vhCDR1	GYTFTNYW	981
vhCDR2	IYPGGGYT	982
vhCDR3	ASPYYGSSYGFAF	983
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSQKFISTSVGDRVSITCKASQSVRIAVAWFQQKPGQSPKALIYLASTRHTG VPDRFTGSGSGTDFTLTISNVQSEDLADYFCLQHWNYPYTFGGGTKLEIKR	984
vlCDR1	QSVRIA	985
vlCDR2	LAS	986
vlCDR3	LQHWNYPYT	987

Figura 7W

CHA.7.543

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLKESGPGLVAPSQSLSITCTVSGFSLSGYGIKWVRQPPGKGLEWLGTIWGDGST DYNSALKSRLSISKDNSKSQVFLKMTSLQTDDTARYYCASDSLGITFGYWGQGTLV TVSA	988
vhCDR1	GFSLSGYG	989
vhCDR2	IWGDGST	990
vhCDR3	ASDSLGITFGY	991
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDISNYLNWYQQKPDGTVKLLIYYTSRLHSGV PSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPLTFGAGTKLELK	992
vlCDR1	QDISNY	993
vlCDR2	YTS	994
vlCDR3	QQGNTLPLT	995

Figura 7X

CHA.7.544

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLKESGPGLVAPSQSLSITCTVSGFSLTSYAITWVRQPPGKGLEWLGVIWPGGGT NYNSALKSRLSISKDNSKSHLFLKMNSLQTDDTARYYCVRSYDGYLDWYFDVWGTG TTVTVSS	996
vhCDR1	GFSLTSYA	997
vhCDR2	IWPGGGT	998
vhCDR3	VRSYDGYLDWYFDV	999
Dominio variable ligero (vl)	NIVMTQSPKSMSMSVGERVTLSCKASENVGTYVSWYQQKPDQSPKLLIYGASNRYT GVPDRFTGSGSATDFTLIISSVQAEDLSDYHCGQSYSYPYTFGGGTKLEII	1000
vlCDR1	ENVGTY	1001
vlCDR2	GAS	1002
vlCDR3	GQSYSYPYT	1003

Figura 7Y

CHA.7.545

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QIQLVQSGPDLKKPGETVKISCKASGYTFTTYGMSWVKQAPGRGLKWMGWINTYSGVSTFPDDFKGRFAFSLETSASTAYLQINNLKNEDSATYFCARLGMGSTTGAGYFDVWGTGTTVTVSS	1004
vhCDR1	GYTFTTYG	1005
vhCDR2	INTYSGVS	1006
vhCDR3	ARLGMGSTTGAGYFDV	1007
Dominio variable ligero (vl)	DIVLTQSPAIMSASPGEKVTMTCSASSSVSSWYLHWYQQKSGASPKLWIYGTSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTISSVEAEDAATYYCQQYRSDPYTFGSGTKLEIK	1008
vlCDR1	SSVSSWY	1009
vlCDR2	GTS	1010
vlCDR3	QQYRSDPYT	1011

Figura 7Z

CHA.7.546

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYTFTTYGMSWVKQAPGKGLKWMGWINTYSGVSTYADDFEGRFAFSLETSVSTAYLQINNLKNEDTATYFCARLGRGSTTGAGYLDVWGTGTTVTVSS	1012
vhCDR1	GYTFTTYG	1013
vhCDR2	INTYSGVS	1014
vhCDR3	ARLGRGSTTGAGYLDV	1015
Dominio variable ligero (vl)	DIVLTQSPAIMSASPGEKVSMTCSASSSVSSWYLHWYQQKSGASPKLWIYGTSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTISSVEAEDAATYYCQQYHSDPYTFGSGTKLEIK	1016
vlCDR1	SSVSSWY	1017
vlCDR2	GTS	1018
vlCDR3	QQYHSDPYT	1019

Figura 7AA

CHA.7.547

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QIQLVQSGPDLKKPGETVKISCKASGYTFTTYGMSWVKQAPGRGLKWMGWINTYSGVSTFPDDFKGRFAFSLETSASTAYLQINNLKNEDSATYFCARLGMGSTTGAGYFDVWGTGTTVTVSS	1020
vhCDR1	GYTFTTYG	1021
vhCDR2	INTYSGVS	1022
vhCDR3	ARLGMGSTTGAGYFDV	1023
Dominio variable ligero (vl)	ENVLTQSPAIMSASLGEKVTLSCRASSSVNYMYWYQQKSDASPKLWIYYTSNLAPGVPARFSGSGSGNSYSLTISSVEGEDAATYYCQQFTSSPWTFGGGTKLEIK	1024
vlCDR1	SSVNY	1025
vlCDR2	YTS	1026
vlCDR3	QQFTSSPWT	1027

Figura 7AB

CHA.7.548

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKASGYTFTDYSMNWVKQSHGKSLEWIGDITPNNGSPNYNQKFKDKATLTVDKSSSTVYMELRSLTSEDSAVYYCASLFFDYWGHGTTLTVSS	1028
vhCDR1	GYTFTDYS	1029
vhCDR2	ITPNNGSP	1030
vhCDR3	ASLFFDY	1031
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSPSSLSVSAGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYGASTRDSGVPDRFTGSGSGTDFTLTITSVQAEDLAVYYCQNDHTYPYTFGGGTKLEIK	1032
vlCDR1	QSLLNSGNQKNY	1033
vlCDR2	GAS	1034
vlCDR3	QNDHTYPYT	1035

Figura 7AC

CHA.7.549

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQQPGTELVKPGASVKLSCKASGFTFTTHWMHWVRQRPGQGLEWIGNIYPS NGGSNYNEKFKTKATLTVDRSSSTAYMHLSSLTSEDSAVYYCARRVNWDGYYFDYW GQGTTLTVSS	1036
vhCDR1	GFTFTTHW	1037
vhCDR2	IYPSNGGS	1038
vhCDR3	ARRVNWDGYYFDY	1039
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSQKFMSTSVGDRVSVTCKASQNVGTNVAWYQQKPGQSPKLLIYSASYRY SGVPDRFTGSGSGTDFTLTISNVQSEDLADYFCQQYNSYPLTFGGGTKLEIK	1040
vlCDR1	QNVGTN	1041
vlCDR2	SAS	1042
vlCDR3	QQYNSYPLT	1043

Figura 7AD

CHA.7.550

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQESGTELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWIHWVKQRPGQGLEWIGNINPSNGGTNYNEKFKSKAALTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYCARRGLPYFFDYWGQGTTLTVSS	1044
vhCDR1	GYTFTSYW	1045
vhCDR2	INPSNGGT	1046
vhCDR3	ARRGLPYFFDY	1047
Dominio variable ligero (vl)	DIVMTQSQKFMSTSVGDRVSVTCKGSQNVGYNVAWYQQKPGQSPKALVYSASDRHSGVPDRFAGSGSGTDFTLTISNVQSEDLAEYFCQQYNSYPLTFGAGTKLELK	1048
vlCDR1	QNVGYN	1049
vlCDR2	SAS	1050
vlCDR3	QQYNSYPLT	1051

Figura 7AE

CHA.7.518.4

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	1052
vhCDR1	GYTFTDYN	1053
vhCDR2	IYPYIGGS	1054
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	1055
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	1056
vlCDR1	ENIYDV	1057
vlCDR2	EAT	1058
vlCDR3	QHFWGTPYT	1059

Figura 8A

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.001	GGTFSSYA	1060	IIPIFGTA	1061	AREEVSSPYGMDV	1062	TGAVTSGHY	1063	DTG	1064	LLSYSGASWV	1065
CPA.7.002	GGTFSSSA	1066	IIPIYGIT	1067	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1068	QGIGNY	1069	SAS	1070	QQLKDYPIT	1071
CPA.7.003	GFSLSHFS	1072	FDPEEGGT	1073	ATGIWYSSGWPVDY	1074	QSLLDSSGYNY	1075	LGS	1076	MQALQTPIT	1077
CPA.7.004	GYTLTELS	1078	FDPEDGET	1079	ATVSRVRGVINYYYYMDV	1080	QSLLYRNGNNY	1081	LGS	1082	MQALQTPPT	1083
CPA.7.005	GGTFSSSA	1084	IIPIYGIT	1085	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1086	QSVDSS	1087	DAS	1088	QQYKDWPFT	1089
CPA.7.006	GGTFGTYA	1090	ITPISATI	1091	ARGFEYSDGLLDD	1092	QSLFYSDDGNTY	1093	RLS	1094	MQHMEFPLT	1095
CPA.7.007	GGSISSSSYY	1096	IYYSGST	1097	ARGAWELRLGDWFDP	1098	SSNIGAGYD	1099	GNN	1100	QSYDSSLSIYVV	1101
CPA.7.008	SGSISSTNW	1102	IYHSGST	1103	ARVGPAAIYY	1104	SNNVGYEG	1105	RNN	1106	SAWDSSLNAVV	1107
CPA.7.009	GYTLTELS	1108	FDPEDGET	1109	ATAKPGIAVAGQNYYYYYMDV	1110	QSLLYRNGNNY	1111	LGS	1112	MQALQTPPT	1113
CPA.7.010	GFTFSSYA	1114	ISYDGSNK	1115	ASSPIGYSYGYWGGMDV	1116	SGIDVRTNK	1117	FQSDSDK	1118	LIWHTSGWV	1119
CPA.7.011	GYTLTELS	1120	FDPEDGET	1121	ATGPAAAGVGYYYYMDV	1122	QSLLYRNGYNY	1123	LGS	1124	MQALQTPPT	1125
CPA.7.012	GFTFSSYA	1126	ISYDGSNK	1127	ARDVMVYCSSTSCYFYGMDV	1128	QDIRDY	1129	DAS	1130	QQFENLPIT	1131
CPA.7.013	GYTLTELS	1132	FDPEDGET	1133	ATGGYSSGFNYYYYYMDV	1134	QSLLYRNGNNY	1135	LGS	1136	MQALQTPPT	1137
CPA.7.014	GYTLTELS	1138	FDPEDGET	1139	ATGVTTYYYYGMDV	1140	QSLLYSNGNNF	1141	LGS	1142	MQALQTPPT	1143
CPA.7.015	GFTFSSYG	1144	IRYDGSNK	1145	ARDLFDFWWDGMDV	1146	QSVSSMY	1147	GAS	1148	QQYVSSPMYT	1149

Figura 8B

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.016	GGTFSSSA	1150	IIPIYGIT	1151	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1152	QSVSSY	1153	DAS	1154	QQYDDWPQT	1155
CPA.7.017	GGTFNNYG	1156	IIPLFGTT	1157	ARDRMAADGMAVFDY	1158	SSNIGRHF	1159	KND	1160	SSWDAALNGVV	1161
CPA.7.018	GYTLTELS	1162	FDPEDGET	1163	ATEVPMVRGARRYYYYMDV	1164	QTLLYINENNY	1165	LGS	1166	MQGLQTPPT	1167
CPA.7.019	GGSISNSNYY	1168	IYYSGST	1169	ARGAWELSLGDWFDP	1170	SSNIGAGYD	1171	GNN	1172	QSYDSSLSVYVV	1173
CPA.7.020	GGTFSSSA	1174	IIPIYGIT	1175	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1176	QNVYGE	1177	DTF	1178	QQRRDWPIT	1179
CPA.7.021	GFTFGTSS	1180	ISFDGTEI	1181	AKGSGNIYFYSGMDV	1182	QSISGW	1183	ETS	1184	QQYYSYPLT	1185
CPA.7.022	GYTLTELS	1186	FDPEDGET	1187	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	1188	QSLLYSNGYNY	1189	LGS	1190	MQALQSPVT	1191
CPA.7.023	GYTLTELS	1192	FDPEDGET	1193	ATDSRDGPAARGGYYYYMDV	1194	QSLLYINGYNY	1195	LGS	1196	MQALQTPPT	1197
CPA.7.024	GGTFSSYA	1198	IIPIFGTA	1199	ARDAYYYDSSGYYNPDAFDI	1200	QSLLHSNGYNY	1201	LGS	1202	MQGLQTPRT	1203
CPA.7.025	GFSLTSGGMS	1204	IDWNDDK	1205	ARIRGMTWGFDS	1206	QSVSSSY	1207	GAS	1208	QQYGTTPFA	1209
CPA.7.026	GYTFTAYY	1210	INPNSGGT	1211	ARDGAFYYGSENYYNAGWFDP	1212	QSLLSGNGYNY	1213	LGS	1214	MQALKSPLT	1215
CPA.7.027	GYTFTNYY	1216	INPSGGIT	1217	ARAGLGYNWNYAPSGMDV	1218	SSDVGGYNY	1219	EVS	1220	SSYAGSNNLV	1221
CPA.7.028	GGSISSSSYY	1222	IYYSGST	1223	ARGAWELRLGDWFDP	1224	SSNIGAGYD	1225	GYS	1226	QSYDSSLSVYVV	1227
CPA.7.029	GFTFDDYA	1228	ISWNSGSI	1229	AKDVNRILVAGMVDY	1230	QSLLHSNGYNY	1231	LGS	1232	MQGLQTPIT	1233
CPA.7.030	RFTFEDYA	1234	ISWKSGGI	1235	VKDPTLVATDRAFNI	1236	QSLLHSNGYNY	1237	LGS	1238	MQYLQTPDT	1239

Figura 8C

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.031	GGTFSSSA	1240	IIPIYGIT	1241	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1242	QSLLDSDDGNIH	1243	TLS	1244	MQRKEFPLT	1245
CPA.7.032	GFTFSSYG	1246	ISYDGSNK	1247	AKEDRLRFLEWLFYGMDV	1248	HDIYTY	1249	DAS	1250	QQYDNHPPEVT	1251
CPA.7.033	GGTFSSSA	1252	IIPIYGIT	1253	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1254	QDIDDD	1255	EAS	1256	LQHDNLPLT	1257
CPA.7.034	GYTLTELS	1258	FDPEDGET	1259	ATEDPGPVAGPYYYYGMDV	1260	QSLLYINGYHY	1261	LGS	1262	MQALQTPPT	1263
CPA.7.035	GYMFTNYP	1264	INAGTGNT	1265	AREGMFYYGLESYYKGGWFDP	1266	QSLLHRNGYNY	1267	LAS	1268	MQALQTPLT	1269
CPA.7.036	GGTFSSSA	1270	IIPIYGIT	1271	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1272	QSLLDSDDGNTY	1273	TLS	1274	MQRLQFPLT	1275
CPA.7.037	TYTFTTYY	1276	IYPSGGNT	1277	VRDQNYYYSAMDV	1278	QDIRNY	1279	DAS	1280	QQFENLPIT	1281
CPA.7.038	GGTFSSSA	1282	IIPIYGIT	1283	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1284	RDISDS	1285	DAS	1286	HQYDNLPLT	1287
CPA.7.039	GFNFRGYA	1288	ISGSGGTT	1289	AQSYAQIGYGGHIDH	1290	SGIDVATYM	1291	YKSDSDK	1292	LIWHGSHYV	1293
CPA.7.040	GYTLTELS	1294	FDPEDGET	1295	ATGVPAAIGVYYYYYYMDV	1296	QSLLYRNGYNY	1297	WGS	1298	MQAVQNPPT	1299
CPA.7.041	GGTFSSSA	1300	IIPIYGIT	1301	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1302	QNIDSS	1303	YAS	1304	HQSSSLPLT	1305
CPA.7.042	GGTFSSSA	1306	IIPIYGIT	1307	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1308	QSVYNNY	1309	DAS	1310	QQYNSWPPYT	1311
CPA.7.043	GGTFSSYA	1312	IIPIFGTA	1313	ARDAYYYDSSGYYNPDAFDI	1314	QSLLYSNGYNY	1315	LGS	1316	MQARQTPYT	1317
CPA.7.044	GGTFSSSA	1318	IIPIYGIT	1319	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1320	ESVTTF	1321	DAS	1322	HQHTNWPLT	1323
CPA.7.045	GYTLTELS	1324	FDPEDGET	1325	ATEVGYCSGGSCYISYYYGMDV	1326	QSLLYRNGHNF	1327	LGS	1328	MQALQTPPT	1329
CPA.7.046	GGTFSSSA	1330	IIPIYGIT	1331	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1332	QTMNNY	1333	DAS	1334	QQYGDWLPIT	1335

Figura 8D

Nombre	Hcdr1	SEQ ID NO:	Hcdr2	SEQ ID NO:	Hcdr3	SEQ ID NO:	Lcdr1	SEQ ID NO:	Lcdr2	SEQ ID NO:	Lcdr3	SEQ ID NO:
CPA.7.047	GYTLTELS	1336	FDPEDGET	1337	ATAFPEATISYYYYMDV	1338	QSLLYRNGYNY	1339	WGS	1340	MQAVQNPPT	1341
CPA.7.049	GGTFSSSA	1342	IIPIYGIT	1343	ARDDTARRVRGVPYYYYYAMDV	1344	RSLLDSDDGNTH	1345	SLS	1346	MQRKEFPLT	1347
CPA.7.050	GGTFSSYA	1348	IIPIFGTA	1349	ARGPWYYDSSGYSSYAYYMDV	1350	QSLLHSDGYNY	1351	LGS	1352	MQALHTPGVT	1353

Figs 9A-9C

IgG1 (SEQ ID NO: 1354):

```
ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS         60
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG        120
PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN        180
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSRDE        240
LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTPPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW        300
QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK                                         330
```

IgG2 (SEQ ID NO: 1355):

```
ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS         60
GLYSLSSVVT VPSSNFGTQT YTCNVDHKPS NTKVDKTVER KCCVECPPCP APPVAGPSVF        120
LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTFR        180
VVSVLTVVHQ DWLNGKEYKC KVSNKGLPAP IEKTISKTKG QPREPQVYTL PPSREEMTKN        240
QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTTPPMLDSD GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN        300
VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK                                             326
```

IgG3 (SEQ ID NO: 1356):

```
ASTKGPSVFP LAPCSRSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS         60
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YTCNVNHKPS NTKVDKRVEL KTPLGDTTHT CPRCPEPKSC        120
DTPPPCPRCP EPKSCDTPPP CPRCPEPKSC DTPPPCPRCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT        180
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVQFKWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTF RVVSVLTVLH        240
QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKTK GQPREPQVYT LPPSREEMTK NQVSLTCLVK        300
GFYPSDIAVE WESSGQPENN YNTTPPMLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NIFSCSVMHE        360
ALHNRFTQKS LSLSPGK                                                       377
```

IgG4 (SEQ ID NO: 1357):

```
ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS         60
GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT YTCNVDHKPS NTKVDKRVES KYGPPCPSCP APEFLGGPSV        120
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY        180
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSQEEMTK        240
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTPPVLDS DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG        300
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSLGK                                            327
```

Figura 10

PVRIG ECD Fragmento A TTLAVLHPERGIRQWAPARQA (SEQ ID NO: 1358)

PVRIG ECD Fragmento B TTLAVLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILE (SEQ ID NO: 1359)

PVRIG ECD Fragmento C ARQARWETQSSISLILE (SEQ ID NO: 1360)

PVRIG ECD Fragmento D TFCCKFASFPEGSWEA (SEQ ID NO: 1361)

PVRIG ECD Fragmento E TFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSS (SEQ ID NO: 1362)

PVRIG ECD Fragmento F EATELSSFTIRCGFL (SEQ ID NO: 1363)

PVRIG ECD Fragmento G EVWVQVRMEATELSSFTIRCGF (SEQ ID NO: 1364)

PVRIG ECD Fragmento H FTIRCGFLGSGSISLVTVS (SEQ ID NO: 1365)

PVRIG ECD Fragmento I SISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLH (SEQ ID NO: 1366)

PVRIG ECD Fragmento J SISLILEGSGASSPCANTTFCCKFAS (SEQ ID NO: 1367)

Figura 11A

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.518 VH

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01 (definición AbM CDR)

IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1368)

Región de unión IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1369)

```
sec              10        20         30         40         50         60         70         80         90
AbM             10        20         30         40         50  a      60         70         80  abc        90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
518      EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKAS GYTFTDYNIN WVKQSHGKSLEWIG YIYPYIGGSG
YNQKFKSKATLSADNPSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCAR
         *   *   * **       *                   * ** **   *             *   ****  ***  ***  *    *  *   *
1-46*01  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H1   QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWMG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H2   QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWIG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H3   QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWIG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRATLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H4   QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWIG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRATLTADNSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
                  V                    #                            N
sec      100       110       120
AbM                 110
                   i   b b b
518      EDKTARNAMDY WGQGTPVTVSS (SEQ ID NO: 1370)
                     *      (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1371)
h518H1   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1372)
h518H2   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1373)
h518H3   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1374)
h518H4   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1375)
               #
```

substituciones de deamidación: Q/S/A

Figura 11B

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.518 VL

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGKV1-39*01

IGKV1-39*01
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPP
(SEQ ID NO: 1376)

Región de unión IMGT J00242|IGKJ2*01|YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1377)

```
sec                 10        20         30         40         50         60        70        80
AbM                10        20         30         40         50         60        70        80
           b b b    p p     p b b  b   b   bi bi i    ii ibbi      i   b   b        b b b  b    ib
bib
518        DIQMTQSPASLSVSVGETVTIIC RVSENIYSNLA WYQQKQGKSPQLLVY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQSEDFGSYYC
                   *   *   **   *                  *  * *  *                      *** * *   *
**
IGKV1-39   DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASQSISSYLN WYQQKPGKAPKLLIY AASSLQS
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h518L1     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RVSENIYSNLA WYQQKPGKAPKLLIY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h518L2     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RVSENIYSNLA WYQQKPGKAPKLLIY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDFATYYC
h518L3     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RVSENIYSNLA WYQQKPGKAPKLLVY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDFGTYYC
                      V              #   #          S          #
sec         90        100
AbM        90        100
           ibi  iib  i   b b b
518        QHFWGTPYT FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 1378)
                      *
IGKV1-39   QQSYSTPP (SEQ ID NO: 1379)
h518L1     QHFWGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1380)
h518L2     QHFWGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1381)
h518L3     QHFWGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1382)
              @
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A/D
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 11C

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.524 VH

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01
IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1383)
Región de unión IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1384)

```
sec              10        20         30         40         50         60        70        80        90
AbM             10        20         30         40         50  a      60        70        80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
524     QVQLQQSGPEVVRPGVSVKISCKGS GYKFPDYVMH WVKQSHAKSLEWIG IISIYSGNTN
YNQKFKGKATMTVDKSSSTAYMELARLTSEDSAIYYCAR
            *   *  **  *   *   *                * *****   *             *   * **   * * *  *    ** *   * *
1-46*01 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h524H1  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYKFPDYVMH WVRQAPGQGLEWMG IISIYSGNTN
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h524H2  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYKFPDYVMH WVRQAPGQGLEWIG IISIYSGNTN
YAQKFQGRVTMTVDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h524H3  QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKGS GYKFPDYVMH WVRQAPGQGLEWIG IISIYSGNTN
YAQKFQGRATMTVDTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h524H4  QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKGS GYKFPDYVMH WVRQAPGQGLEWIG IISIYSGNTN
YAQKFQGRATMTVDKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
                 V                                          # #  N                          I
```

```
sec    100        110
AbM                110
                  i   b b b
524     EGDLPMFAY WGQGTLVTVSA (SEQ ID NO: 1385)
                           * (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1386)
h524H1  EGDLPMFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1387)
h524H2  EGDLPMFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1388)
h524H3  EGDLPMFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1389)
h524H4  EGDLPMFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1390)
           @
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A
@ sustituciones de oxidación de metionina: L/F/A

Figura 11D

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.524 VL

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGKV3-11*01
IGKV3-11*01
EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPP (SEQ ID NO: 1391)
Región de unión IMGT J00242|IGKJ2*01|YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1392)

```
sec                 10        20         30          40         50         60        70        80
AbM               10        20         30         40         50         60        70        80
           b b b    p p     b b b  b   b   bi bi i    ii ibbi      i   b   b        b b b  b    ib bib
524        QIVLTQSPAIMSASPGEKVTMTC NASSSVS-YMY WYQQKPISSPRLLIY DTSNLAS GVPVRFSGSGSGTSYSLTIGRMEAEDAATYYC
           *        ** *    ** **                    ***                * *         ***   *** *  * *
IGKV3-11   EIVLTQSPATLSLSPGERATLSC RASQSVSSYLA WYQQKPGQAPRLLIY DASNRAT GIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYC
h524L1     EIVLTQSPATLSLSPGERATLSC NASSSVS-YMY WYQQKPGQAPRLLIY DTSNLAS GIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYC
h524L2     EIVLTQSPATLSLSPGERATLSC NASSSVS-YMY WYQQKPGQAPRLLIY DTSNLAS GIPARFSGSGSGTDYTLTISSLEPEDFAVYYC
h524L3     EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSC NASSSVS-YMY WYQQKPGQAPRLLIY DTSNLAS GVPARFSGSGSGTDYTLTISSMEPEDFAVYYC
                     M A           #                    S          #                                A
```

```
sec          90        100
AbM        90        100
           ibi  iib  i   b b b
524        QQWSSYPLT FGAGTKVEVK (SEQ ID NO: 1393)
                     *   * *
IGKV3-11   QQRSNWPP (SEQ ID NO: 1394)
h524L1     QQWSSYPLT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1395)
h524L2     QQWSSYPLT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1396)
h524L3     QQWSSYPLT FGQGTKVEIK (SEQ ID NO: 1397)
             @              V
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A/D
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 11E

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.530 VH

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01
IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1398)
Región de unión IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1399)

```
sec              10        20         30         40         50         60        70        80        90
AbM             10        20         30         40        50  a       60        70        80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
530     QVQLQQSGAELMRPGTSVKVSCKAS GYAFTNHLIE WIKQRPGQGLEWIG VINPGSDSTD
YNEKFKDKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSDDSAVYFCAR
           *     ***  *                    ** *       *              **  **** * * * *  *  *    * * *   *
1-46*01 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h530H1  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNHLIE WVRQAPGQGLEWMG VINPGSDSTD
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h530H2  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNHLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSDSTD
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h530H3  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNHLIE WIRQAPGQGLEWIG VINPGSDSTD
YAQKFQGRATLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h530H4  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNHLIE WIRQAPGQGLEWIG VINPGSDSTD
YAQKFQGRATLTADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
                  M                  #                    #         N                                F

sec    100        110
AbM                    110
                   i   b b b
530     SLYYNSWFVY WGQGTLVTVSA (SEQ ID NO: 1400)
                           * (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1401)
h530H1  SLYYNSWFVY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1402)
h530H2  SLYYNSWFVY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1403)
h530H3  SLYYNSWFVY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1404)
h530H4  SLYYNSWFVY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1405)
            # @
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 11F

Secuencias humanizadas del anticuerpo VL CHA.7.530

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGKV1-39*01 (definición de AbM CDR)
IGKV1-39*01
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPP
(SEQ ID NO: 1406)
Región de unión IMGT J00242|IGKJ2*01|YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1407)

```
sec                 10        20         30         40         50         60        70        80
AbM                10        20         30         40         50         60        70        80
           b b b    p p     p b b  b   b   bi bi i    ii ibbi      i   b   b        b b b  b    ib
bib
530        DIQMTQSPASLSASVGETVTITC RASENIYSYLA WYQQKRGKSPQLLVY NAKTLVE
GVPSRFSGSGSGTQFSLKINSLQPEDFGSYYC
                   *       **                      *  * *  *                     * * * *
**
IGKV1-39   DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASQSISSYLN WYQQKPGKAPKLLIY AASSLQS
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h530L1     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASENIYSYLA WYQQKPGKAPKLLIY NAKTLVE
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h530L2     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASENIYSYLA WYQQKPGKAPKLLVY NAKTLVE
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFGTYYC
                                    #               S       #
```

```
sec         90        100
AbM        90        100
           ibi  iib  i   b b b
530        QHHYGTPYT FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 1408)
                     *
IGKV1-39   QQSYSTPP (SEQ ID NO: 1409)
h530L1     QHHYGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1410)
h530L2     QHHYGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1411)
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A/D

Figura 11G

Secuencias humanizadas del anticuerpo VH CHA.7.538_1

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01
IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1412)
Región de unión IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1413)

```
sec              10        20         30         40         50         60        70        80        90
AbM             10        20         30         40        50  a       60        70        80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
538_1   QVQLQQSGAELVRPGASVKVSCKTS GYAFTNYLIE WVKQRPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YNDKFKVKTTLTADKSSSTAYMQLSSLTSDDSAVYFCAR
           *    ***          *               * *      *             **  **** * * * *  *  *    * * *   *
1-46*01 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H1 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWMG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H2 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H3 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H4 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTLTADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
                  V                  #                    #        N      T                         F

sec     100        110
AbM                110
                   i   b b b
538_1   SETHDTWFAY WGQGTLVTVSA (SEQ ID NO: 1414)
                          * (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1415)
h5381H1 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1416)
h5381H2 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1417)
h5381H3 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1418)
h5381H4 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1419)
             @
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 11H

Secuencias humanizadas del anticuerpo VL CHA.7.538_1

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGKV1-39*01
IGKV1-39*01
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPP (SEQ ID NO: 1420)

Región de unión IMGT J00242|IGKJ2*01|YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1421)

IGKV1-17*02
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISNLQPEDFATYYCLQHNSYPP (SEQ ID NO: 1422)

```
sec                10        20        30        40        50        60        70        80
AbM               10        20        30        40        50        60        70        80
            b b b    p p     p b b  b   b   bi bi i    ii ibbi      i   b   b        b b b  b    ib bib
538         DIVMTQSQKFISTSVGDRVSITC KASQSVRIAVA WFQQKPGQSPKALIY LASTRHT GVPDRFTGSGSGTDFTLTISNVQSEDLADYFC
              *    ***★ ★     *                 ★     ★★  ★              *  *             ★★ *  ★ * ★
IGKV1-39    DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASQSISSYLN WYQQKPGKAPKLLIY AASSLQS GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h538L1      DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC KASQSVRIAVA WYQQKPGKAPKLLIY LASTRHT GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h538L2      DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC KASQSVRIAVA WFQQKPGKAPKALIY LASTRHT GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSVQPEDFATYYC
                      I T                               S                                          L   F

sec         90        100
AbM        90        100
           ibi  iib  i   b b b
538        LQHWNYPYT FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 1423)
                      *
IGKV1-39   QQSYSTPP (SEQ ID NO: 1424)
h538L1     LQHWNYPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1425)
h538L2     LQHWNYPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1426)
             @#
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A/D
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 11I

Secuencias humanizadas del anticuerpo VH CHA.7.538_2 antibody

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01
IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1427)
Región de unión
IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1428)

```
sec              10        20         30         40         50         60         70         80         90
AbM             10        20         30         40        50  a       60         70         80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
538_2   QVQLQQSGAELVRPGTSVKMSCKAA GYTFTNYWIG WVKQRPGHGLEWIG DIYPGGGYTN
YNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCAS
            *     ***  *   *    *              * *  *    *              **  * ** * *   *  *  *    *   * *
*
1-46*01 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5382H1 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTNYWIG WVRQAPGQGLEWMG DIYPGGGYTN
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5382H2 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTNYWIG WVRQAPGQGLEWIG DIYPGGGYTN
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAS
h5382H3 QVQLVQSGAEVKKPGASVKMSCKAS GYTFTNYWIG WVRQAPGQGLEWIG DIYPGGGYTN
YAQKFQGRATLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAS
                  V                  # @                          #  N                              I

sec     100        110
AbM                110
                  i   b b b
538_2   PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSA (SEQ ID NO: 1429)
                           * (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1430)
h5382H1 PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1431)
h5382H2 PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1432)
h5382H3 PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1433)
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 12A

CHA.7.518 VH humanizada

h518HH1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTS
TSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1434)

h518HH2
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEW**I**GYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMT**A**DTST
STVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1435)

h518HH3
QVQLVQSGAEVKKPGASVK**I**SCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEW**I**GYIYPYIGGSGYAQKFQGR**A**T**L**TADTSTS
T**A**YMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1436)

h518HH4
QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEW**I**GYIYPYIGGSGYAQKFQGRATLTAD**N**STS
TAYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1437)

CHA.7.524 VH humanizada

h524HH1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYKFPDYVMHWVRQAPGQGLEWMGIISIYSGNTNYAQKFQGRVTMTRDTS
TSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREGDLPMFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1438)

h524HH2
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYKFPDYVMHWVRQAPGQGLEW**I**GIISIYSGNTNYAQKFQGRVTMT**V**DTST
STVYMELSSLRSEDTAVYYCAREGDLPMFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1439)

h524HH3
QVQLVQSGAEVKKPGASVK**I**SCK**G**SGYKFPDYVMHWVRQAPGQGLEWIGIISIYSGNTNYAQKFQGR**A**TMTVDTST
ST**A**YMELSSLRSEDTAVYYCAREGDLPMFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1440)

Figura 12B

h524HH4
QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKGSGYKFPDYVMHWVRQAPGQGLEWIGIISIYSGNTNYAQKFQGRATMTVD**K**ST
STAYMELSSLRSEDTAVYYCAREGDLPMFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1441)

CHA.7.530 VH humanizada
h530HH1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNHLIEWVRQAPGQGLEWMGVINPGSDSTDYAQKFQGRVTMTRDTS
TSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSLYYNSWFVYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1442)

h530HH2
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNHLIEWVRQAPGQGLEW**I**GVINPGSDSTDYAQKFQGRVTMT**A**DTST
STVYMELSSLRSEDTAVYYCARSLYYNSWFVYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1443)

h530HH3
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNHLIEW**I**RQAPGQGLEW**I**GVINPGSDSTDYAQKFQGR**A**T**L**T**A**DTST
ST**A**YMELSSLRSEDTAVYYCARSLYYNSWFVYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1444)

h530HH4
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNHLIEWIRQAPGQGLEWIGVINPGSDSTDYAQKFQGRATLTAD**K**STS
TAYMELSSLRSEDTAVYYCARSLYYNSWFVYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1445)

CHA.7.538_1 VH humanizada
h5381HH1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWMGVINPGSGGIYYAQKFQGRVTMTRDTS
TSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1446)

h5381HH2
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEW**I**GVINPGSGGIYYAQKFQGRVTMT**A**DTST
STVYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1447)

Figura 12C

h5381HH3
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCK**T**SGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWIGVINPGSGGIYYAQKFQGRVT**L**TADTSTS
T**A**YMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1448)

h5381HH4
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWIGVINPGSGGIYYAQKFQGRVTLTAD**K**ST
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1449)

CHA.7.538_2 VH humanizada
h5382HH1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYWIGWVRQAPGQGLEWMGDIYPGGGYTNYAQKFQGRVTMTRDT
STSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARPYYGSSYGFAFWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1450)

h5382HH2
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYWIGWVRQAPGQGLEW**I**GDIYPGGGYTNYAQKFQGRVTMT**A**DTS
TSTVYMELSSLRSEDTAVYYCA**S**PYYGSSYGFAFWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1451)

h5382HH3
QVQLVQSGAEVKKPGASVK**M**SCKASGYTFTNYWIGWVRQAPGQGLEWIGDIYPGGGYTNYAQKFQGR**A**T**L**TADTS
TST**A**YMELSSLRSEDTAVYYCASPYYGSSYGFAFWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1452)

CHA.7.518 VL humanizada
h518HL1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQ
PEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1453)

h518HL2
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTD**Y**TLTISSLQ
PEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1454)

Figura 12D

h518HL3
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLL**V**YEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSL
QPEDF**G**TYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1455)

CHA.7.524 VL humanizada
h524HL1
EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCNASSSVSYMYWYQQKPGQAPRLLIYDTSNLASGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEP
EDFAVYYCQQWSSYPLTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1456)

h524HL2
EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCNASSSVSYMYWYQQKPGQAPRLLIYDTSNLASGIPARFSGSGSGTD**Y**TLTISSLEP
EDFAVYYCQQWSSYPLTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1457)

h524HL3
EIVLTQSPATLSLSPGER**V**T**M**SCNASSSVSYMYWYQQKPGQAPRLLIYDTSNLASG**V**PARFSGSGSGTDYTLTISS**M**
EPEDFAVYYCQQWSSYPLTFGQGTK**V**EIK (SEQ ID NO: 1458)

CHA.7.530 VL humanizada
h530HL1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASENIYSYLAWYQQKPGKAPKLLIYNAKTLVEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQ
PEDFATYYCQHHYGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1459)

h530HL2
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASENIYSYLAWYQQKPGKAPKLL**V**YNAKTLVEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSL
QPEDF**G**TYYCQHHYGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1460)

CHA.7.538_1/538_2 VL humanizada
h538HL1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAWYQQKPGKAPKLLIYLASTRHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSL
QPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1461)

Figura 12E

h538HL2
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAW**F**QQKPGKAPK**A**LIYLASTRHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS**V**
QPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1462)

Figura 13: Pares de CHA.7 VH-VL humanizados

Anticuerpo CHA.7.518		
	VH	VL
ch518	VH quim	VL quim
h518-1	h518HH1	h518HL1 (opcional)
h518-2	h518HH2	h518HL2
h518-3	h518HH3	h518HL2
h518-4	h518HH3	h518HL3
h518-5	h518HH4	h518HL3
Anticuerpo CHA.7.524		
	VH	VL
ch524	VH quim	VL quim
h524-1	h524HH1	h524HL1 (opcional)
h524-2	h524HH2	h524HL2
h524-3	h524HH3	h524HL3
h524-4	h524HH4	h524HL3
Anticuerpo CHA.7.530		
	VH	VL
ch530	VH quim	VL quim
h530-1	h530HH1	h530HL1 (opcional)
h530-2	h530HH2	h530HL2
h530-3	h530HH3	h530HL1
h530-4	h530HH3	h530HL2
h530-5	h530HH4	h530HL2
Anticuerpo CHA.7.538_1		
	VH	VL
ch538.1	VH quim	VL quim
h538.1-1	h538.1HH1	h538.1HL1 (opcional)
h538.1-2	h538.1HH2	h538.1HL2
h538.1-3	h538.1HH3	h538.1HL2
h538.1-4	h538.1HH4	h538.1HL2
Anticuerpo CHA.7.538_2		
	VH	VL
ch538.2	VH quim	VL quim
h538.2-1	h538.2HH1	h538.1HL1 (opcional)
h538.2-2	h538.2HH2	h538.1HL2
h538.2-3	h538.2HH3	h538.1HL2

Figura 14A

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_171_Secuencia_de_WT_ECD_Humano_(sin_SP) SEQ ID NO: 1463

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILRAD

Figura 14B

>PVRIG_NP_076975_de_21_a_171_Secuencia_de_WT_ECD Humano_(con_SP) SEQ ID NO: 1464

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLA
VLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGL
SAPPTPAPILRAD

Figura 14C

>PVRIG_NP_076975_de_43_a_146_Secuencia_de_Dominio_Igs ec. con núm. de ident.: 1465

EVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWET
QSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEA

Figura 14D

>PVRIG_Splice_Variant_P6 SEQ ID NO: 1466

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLA
VLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGL
SAPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFGCVYLLHLLRRHKHR

Figura 14E

>PVRIG_Splice_Variant_P8 SEQ ID NO: 1467

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLA
VLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGL
SVPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFDCGYLLHLLCRQKHRPAPRLQPSHTSS

Figura 14F

>PVRIG_Splice_Variant_P4 SEQ ID NO: 1468

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRWLSAPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFGC
VYLLHLLRRHKHRPAPRLQPSRTSPQAPRARAWAPSQASQAALHVPYATINTSCRPATLDTAHPHGGPS
WWASLPTHAAHRPQGPAAWASTPIPARGSFVSVENGLYAQAGERPPHTGPGLTLFPDPRGPRAMEGPL
GVR

Figura 14G

>PVRIG_Splice_Variant_P7 SEQ ID NO: 1469

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGLSAPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFGCVYLLHLLRRHKHRPAPRLQPSR
TSPQAPRARAWAPSQASQAALHVPYATINTSCRPATLDTAHPHGGPSWWASLPTHAAHRPQGPAAWA
STPIPARGSFVSVENGLYAQAGERPPHTGPGLTLFPDPRGPRAMEGPLGVR

Figura 14H

>PVRIG_Splice_Variant_P14 SEQ ID NO: 1470

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGLSVPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFDCGYLLHLLCRQKHRPAPRLQPSH
TSS

Figura 14I

>PVRIG_Splice_Variant_P3 SEQ ID NO: 1471

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLA
VLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGG
AGARGPGGQGGARELATHLILVSVPRALCPADSCPHSAGRPGRDLGGLRSPPLWLCLPPSSAAPT

Figura 14J

>PVRIG_Splice_Variant_P10 SEQ ID NO: 1472

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLA
VLHPERGAQISPRGPKIGGPPCPRPGPAGKPRAASLSSWKALGPAAPAPTPPSAASLRPSQAALHVPYA
TINTSCRPATLDTAHPHGGPSWWASLPTHAAHRPQGPAAWASTPIPARGSFVSVENGLYAQAGERPPH
TGPGLTLFPDPRGPRAMEGPLGVR

Figura 14K

>PVRIG_Splice_Variant_P13 SEQ ID NO: 1473

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLA
VLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPGCSSRPLCHYQHQLPPSY
FGHSSPPWGAVLVGVTPHPRCTPAPGPCRLGLHTHPCTWQLCLC

Figura 14L

>PVRIG_Splice_Variant_P3_ECD SEQ ID NO: 1474

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGGAGARGPGGQGGARELATHL
ILVSVPRALCPADSCPHSAGRPGRDLGGLRSPPLWLCLPPSSAAPT

Figura 14M

>PVRIG_Splice_Variant_P10_ECD SEQ ID NO: 1475

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGAQISPRGPKIGGPP
CPRPGPAGKPRAASLSSWKALGPAAPAPTPPSAASLRPSQAALHVPYATINTSCRPATLDTAHPHGGPS
WWASLPTHAAHRPQGPAAWASTPIPARGSFVSVENGLYAQAGERPPHTGPGLTLFPDPRGPRAMEGPL
GVR

Figura 14N

>PVRIG_Splice_Variant_P13_ECD SEQ ID NO: 1476

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPGCSSRPLCHYQHQLPPSYFGHSSPPWGAVLVGVTPHP
RCTPAPGPCRLGLHTHPCTWQLCLC

Figura 14O

>PVRIG_Splice_Variant_P3_ECD_Unique SEQ ID NO: 1477

GAGARGPGGQGGARELATHLILVSVPRALCPADSCPHSAGRPGRDLGGLRSPPLWLCLPPSSAAPT

Figura 14P

>PVRIG_Splice_Variant_P10_ECD_All_Unique SEQ ID NO: 1478

AQISPRGPKIGGPPCPRPGPAGKPRAASLSSWKALGPAAPAPTPPSAASLRPSQAALHVPYATINTSCRP
ATLDTAHPHGGPSWWASLPTHAAHRPQGPAAWASTPIPARGSFVSVENGLYAQAGERPPHTGPGLTLF
PDPRGPRAMEGPLGVR

Figura 14Q

>PVRIG_Splice_Variant_P10_ECD_Unique_sin_intracelular SEQ ID NO: 1479

AQISPRGPKIGGPPCPRPGPAGKPRAASLSSWKALGPAAPAPTPPSAASLRP

Figura 14R

>PVRIG_Splice_Variant_P13_ECD_Unique SEQ ID NO: 1480

GCSSRPLCHYQHQLPPSYFGHSSPPWGAVLVGVTPHPRCTPAPGPCRLGLHTHPCTWQLCLC

Figura 14S

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_169_variación_de_ECD_(sin_SP) SEQ ID NO: 1481

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILR

Figura 14T

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_170_variación_de_ECD_(sin_SP) SEQ ID NO: 1482

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILRA

Figura 14U

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_172_variación_de_ECD_(sin_SP) SEQ ID NO: 1483

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILRADL

Figura 14V

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_173_variación_de_ECD_(sin_SP) SEQ ID NO: 1484

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILRADLA

Figura 14W

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_144_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1485

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSW

Figura 14X

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_145_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1486

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWE

Figura 14Y

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_146_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1487

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEA

Figura 14Z

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_147_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1488

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEAC

Figura 14AA

>PVRIG_NP_076975_de_41_a_148_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1489

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARW
ETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACG

Figura 14AB

>PVRIG_NP_076975_de_42_a_144_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1490

PEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWE
TQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSW

Figura 14AC

>PVRIG_NP_076975_de_42_a_145_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1491

PEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWE
TQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWE

Figura 14AD

>PVRIG_NP_076975_de_42_a_146_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1492

PEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWE
TQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEA

Figura 14AE

>PVRIG_NP_076975_de_42_a_147_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1493

PEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWE
TQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEAC

Figura 14AF

>PVRIG_NP_076975_de_42_a_148_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1494

PEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWE
TQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACG

Figura 14AG

>PVRIG_NP_076975_de_43_a_144_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1495

EVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPAR
QARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSW

Figura 14AH

>PVRIG_NP_076975_de_43_a_145_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1496

EVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPAR
QARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWE

Figura 14AI

>PVRIG_NP_076975_de_43_a_147_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1497

EVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPAR
QARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEAC

Figura 14AJ

>PVRIG_NP_076975_de_43_a_148_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1498

EVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPAR
QARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACG

Figura 14AK

>PVRIG_NP_076975_de_44_a_144_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1499

VWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQ
ARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSW

Figura 14AL

>PVRIG_NP_076975_de_44_a_145_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1500

VWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQ
ARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWE

Figura 14AM

>PVRIG_NP_076975_de_44_a_146_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1501

VWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQ
ARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEA

Figura 14AN

>PVRIG_NP_076975_de_44_a_147_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1502

VWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQ
ARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEAC

Figura 14AO

>PVRIG_NP_076975_de_44_a_148_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1503

VWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQ
ARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACG

Figura 14AP

>PVRIG_NP_076975_de_45_a_144_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1504

WVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQA
RWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSW

Figura 14AQ

>PVRIG_NP_076975_de_45_a_145_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1505

WVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQA
RWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWE

Figura 14AR

>PVRIG_NP_076975_de_45_a_146_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1506

WVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQA
RWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEA

Figura 14AS

>PVRIG_NP_076975_de_45_a_147_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1507

WVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQA
RWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEAC

Figura 14AT

>PVRIG_NP_076975_de_45_a_148_variación_de_Ig_Dominio SEQ ID NO: 1508

WVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPARQA
RWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACG

Figura 14AU

>PVRIG_XP_006544085_PREDICTED_proteina_transmembrana_similar
a_PVRIG_isoforma_X2_[Mus_musculus] SEQ ID NO: 1509

MRTGNTQAAHATNMGQMQTLVLFSTLLTLCVSEASPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYS
LISLVTVSCEGFVDAGRTKLAVLHPEFGTQQWAPARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLA
NTTFCCEFVTFPHGSRVACRDLHRSDPGLSAPTPALNLQADLVRILGTSGVFLFGFIFILCLRWQ
QRHWCLSKSQPSLTSTQAQVETQPPHLASTHSSFISMENGLYALA

Figura 14AV

>PVRIG_2do_Met_Ratón_WT SEQ ID NO: 1510

MGQMQTLVLFSTLLTLCVSEASPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSCEGFVD
AGRTKLAVLHPEFGTQQWAPARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFVTFPHG
SRVACRDLHRSDPGLSAPTPALNLQADLVRILGTSGVFLFGFIFILCLRWQQRHWCLSKSQPSL
TSTQAQVETQPPHLASTHSSFISMENGLYALA

Figura 14AW

>PVRIG_Ratón_WT_ECD_(sin_SP) SEQ ID NO: 1511

SPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSCEGFVDAGRTKLAVLHPEFGTQQWAP
ARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFVTFPHGSRVACRDLHRSDPGLSAPTP
ALNLQAD

Figura 14AX

>PVRIG_Ratón_WT_ECD_(con_SP) SEQ ID NO: 1512

MGQMQTLVLFSTLLTLCVSEASPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSCEGFVD
AGRTKLAVLHPEFGTQQWAPARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFVTFPHG
SRVACRDLHRSDPGLSAPTPALNLQAD

Figura 14AY

>PVRIG_HH-1_(Humano_ECD_+_humano_IgG1_Fc_mutado_C220S_en_bisagra)_-_sin_SP
SEQ ID NO: 1513

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPA
RQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPI
LRADEPKSSDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
NWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
AKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSD
GSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14AZ

>PVRIG_HH-1-
1_(Humano_ECD_con_C127F_y_C147S_mutaciones_+_humano_IgG1_Fc_mutado_C220S_e
n_bisagra)_-_sin_SP SEQ ID NO: 1514

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPA
RQARWETQSSISLILEGSGASSPFANTTFCCKFASFPEGSWEASGSLPPSSDPGLSAPPTPAPI
LRADEPKSSDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
NWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
AKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSD
GSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BA

>PVRIG_HH-2_(Humano_ECD_+_Humano_IgG1_Fc_mutado_en_C220S,_C226S,_C229S_de_bisagra)_-_sin_SP SEQ ID NO: 1515

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPA
RQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPI
LRADEPKSSDKTHTSPPSPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
NWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
AKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSD
GSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BB

>PVRIG_HH-2-1-1_(Humano_ECD_con_C127F_mutación_+_Humano_IgG1_Fc_mutado_en_C220S,_C226S,_C229S_de_bisagra,_codificado_por_codones_natural_en lugar_de_codones_optimizados_para_células_CHO)_-_sin_SP SEQ ID NO: 1516

TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQWAPA
RQARWETQSSISLILEGSGASSPFANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSAPPTPAPI
LRADEPKSSDKTHTSPPSPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
NWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
AKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSD
GSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BC

>PVRIG_MM-1_(Ratón_ECD_+_ratón_IgG2a_Fc)_-_sin_SP SEQ ID NO: 1517

SPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSCEGFVDAGRTKLAVLHPEFGTQQWAP
ARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFVTFPHGSRVACRDLHRSDPGLSAPTP
ALNLQADEPRGPTIKPCPPCKCPAPNLLGGPSVFIFPPKIKDVLMISLSPIVTCVVVDVSEDDPDV
QISWFVNNVEVHTAQTQTHREDYNSTLRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKDLPAPIERTI
SKPKGSVRAPQVYVLPPPEEEMTKKQVTLTCMVTDFMPEDIYVEWTNNGKTELNYKNTEPVLD
SDGSYFMYSKLRVEKKNWVERNSYSCSVVHEGLHNHHTTKSFSRTPGK

Figura 14BD

>PVRIG_MM-1-1_(Ratón_ECD_+_ratón_IgG2a_Fc_con_3_C_mutado_a_S_en_bisagra)_-_sin_SP SEQ ID NO: 1518

SPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSCEGFVDAGRTKLAVLHPEFGTQQWAP
ARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFVTFPHGSRVACRDLHRSDPGLSAPTP
ALNLQADEPRGPTIKPSPPSKSPAPNLLGGPSVFIFPPKIKDVLMISLSPIVTCVVVDVSEDDPDV
QISWFVNNVEVHTAQTQTHREDYNSTLRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKDLPAPIERTI
SKPKGSVRAPQVYVLPPPEEEMTKKQVTLTCMVTDFMPEDIYVEWTNNGKTELNYKNTEPVLD
SDGSYFMYSKLRVEKKNWVERNSYSCSVVHEGLHNHHTTKSFSRTPGK

Figura 14BE

>Humano_Fc_(IgG1) SEQ ID NO: 1519

EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
VDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG
QPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BF

>Humano_Fc_(IgG1)_C220S SEQ ID NO: 1520

EPKSSDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
VDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG
QPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BG

>Humano_Fc_(IgG1)_con_el_C220S_(en_bisagra)_y_mutaciones_N297A SEQ ID NO: 1521

EPKSSDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
VDGVEVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG
QPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BH

>Humano_Fc_(IgG1)_sin_bisagra SEQ ID NO: 1522

APELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPRE
EQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRD
ELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQ
GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BI

>Ratón_Fc_(IgG2a) SEQ ID NO: 1523

EPRGPTIKPCPPCKCPAPNLLGGPSVFIFPPKIKDVLMISLSPIVTCVVVDVSEDDPDVQISWFVN
NVEVHTAQTQTHREDYNSTLRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKDLPAPIERTISKPKGSV
RAPQVYVLPPPEEEMTKKQVTLTCMVTDFMPEDIYVEWTNNGKTELNYKNTEPVLDSDGSYF
MYSKLRVEKKNWVERNSYSCSVVHEGLHNHHTTKSFSRTPGK

Figura 14BJ

>Ratón_Fc_(IgG2a)_Fc_con_la_mutación_N297A SEQ ID NO: 1524

EPRGPTIKPCPPCKCPAPNLLGGPSVFIFPPKIKDVLMISLSPIVTCVVVDVSEDDPDVQISWFVN
NVEVHTAQTQTHREDYASTLRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKDLPAPIERTISKPKGSV
RAPQVYVLPPPEEEMTKKQVTLTCMVTDFMPEDIYVEWTNNGKTELNYKNTEPVLDSDGSYF
MYSKLRVEKKNWVERNSYSCSVVHEGLHNHHTTKSFSRTPGK

Figura 14BK

>Ratón_Fc_(IgG2a)_sin_bisagra SEQ ID NO: 1525

APNLLGGPSVFIFPPKIKDVLMISLSPIVTCVVVDVSEDDPDVQISWFVNNVEVHTAQTQTHRED
YNSTLRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKDLPAPIERTISKPKGSVRAPQVYVLPPPEEEM
TKKQVTLTCMVTDFMPEDIYVEWTNNGKTELNYKNTEPVLDSDGSYFMYSKLRVEKKNWVER
NSYSCSVVHEGLHNHHTTKSFSRTPGK

Figura 14BL

>Humano_Fc_(IgG1)_con_las_mutaciones_C220S_C226S_C229S_(en_bisagra) SEQ ID NO: 1526

EPKSSDKTHTSPPSPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
VDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG
QPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

Figura 14BM

>PVRIG_PRIMER_200-554_m15029_F SEQ ID NO: 1527

CCACCAACCTCTCGTCTTTC

Figura 14BN

>PVRIG_PRIMER_200-553_m15029_R SEQ ID NO: 1528

TCATGCCAGAGCATACAG

Figura 14BO

>PVRIG_PRIMER_200-571_m15029_F SEQ ID NO: 1529

CAGTGCCTCTAACTGCTGAC

Figura 14BP

>PVRIG_PRIMER_200-572_m15029_R SEQ ID NO: 1530

TCACTGTTACCAGGGAGATGAG

Figura 14BQ

>PVRIG_PRIMER_200-549_m15029_F SEQ ID NO: 1531

CACAGGCTGCCCATGCAAC

Figura 14BR

>PVRIG_PRIMER_200-551_m15029_R SEQ ID NO: 1532

TGCCTGGGTGCTAGTGAGAG

Figura 14BS

>PVRIG_PRIMER_200-554_m15029_F SEQ ID NO: 1533

CCACCAACCTCTCGTCTTTC

Figura 14BT

>PVRIG_PRIMER_200-546_m15029_R SEQ ID NO: 1534

GACCCTGTTACCTGTCATTG

Figura 14BU

>PVRIG_flag_proteina SEQ ID NO: 1535

MGHRTLVLPWVLLTLCVTAGTPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGA
GGTTLAVLHPERGIRQWAPARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEA
CGSLPPSSDPGLSAPPTPAPILRADLAGILGVSGVLLFGCVYLLHLLRRHKHRPAPRLQPSRTS
PQAPRARAWAPSQASQAALHVPYATINTSCRPATLDTAHPHGGPSWWASLPTHAAHRPQGP
AAWASTPIPARGSFVSVENGLYAQAGERPPHTGPGLTLFPDPRGPRAMEGPLGVRDYKDDDD
K

Figura 14BV

>PVRIG_Ratón_Primera_Metionina_ péptido_ señal -Flag-ECD SEQ ID NO: 1536

MRTGNTQAAHATNMGQMQTLVLFSTLLTLCVSEADYKDDDDKSPEVWVQVQMEATNLSSFSV
HCGVLGYSLISLVTVSCEGFVDAGRTKLAVLHPEFGTQQWAPARQAHWETPNSVSVTLTMGQ
SKARSSLANTTFCCEFVTFPHGSRVACRDLHRSDPGLSAPTPALNLQADLVRILGTSGVFLFGF
IFILCLRWQQRHWCLSKSQPSLTSTQAQVETQPPHLASTHSSFISMENGLYALA

Figura 14BW

>PVRIG_Ratón_Tercera_Metionina_sin etiqueta SEQ ID NO: 1537

MQTLVLFSTLLTLCVSEASPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSCEGFVDAGR
TKLAVLHPEFGTQQWAPARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFVTFPHGSRV
ACRDLHRSDPGLSAPTPALNLQADLVRILGTSGVFLFGFIFILCLRWQQRHWCLSKSQPSLTST
QAQVETQPPHLASTHSSFISMENGLYALA

Figura 14BX

>PVRIG_Ratón_Tercera_ Metionina_péptido señal-Flag-ECD SEQ ID NO: 1538

MQTLVLFSTLLTLCVSEADYKDDDDKSPEVWVQVQMEATNLSSFSVHCGVLGYSLISLVTVSC
EGFVDAGRTKLAVLHPEFGTQQWAPARQAHWETPNSVSVTLTMGQSKARSSLANTTFCCEFV
TFPHGSRVACRDLHRSDPGLSAPTPALNLQADLVRILGTSGVFLFGFIFILCLRWQQRHWCLSK
SQPSLTSTQAQVETQPPHLASTHSSFISMENGLYALA

Figura 15A

CHA.7.518.1.H4(S241P)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRD TSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	1539
vhCDR1	GYTFTDYN	1540
vhCDR2	IYPYIGGS	1541
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	1542
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRD TSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGC LVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQF NSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSP GK	1543
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	1544
vlCDR1	ENIYSN	1545
vlCDR2	EAT	1546
vlCDR3	QHFWGTPYT	1547
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDN ALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1548

Figura 15B

CHA.7.538.1.2.H4(S241P)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWIGVINPGSGGIYYAQKFQGRVTMTAD TSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS	1549
vhCDR1	GYAFTNYL	1550
vhCDR2	INPGSGGI	1551
vhCDR3	ARSETHDTWFAY	1552
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWIGVINPGSGGIYYAQKFQGRVTMTAD TSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCL VKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQF NSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVK GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSL SPGK	1553
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAWFQQKPGKAPKALIYLASTRHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTIS SVQPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK	1554
vlCDR1	QSVRIA	1555
vlCDR2	LAS	1556
vlCDR3	LQHWNYPYT	1557
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAWFQQKPGKAPKALIYLASTRHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTIS SVQPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1558

Figura 16A

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.518 VH

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01 (definición AbM CDR)

IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1559)

Región de unión IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1560)

```
sec              10        20         30         40         50         60        70        80        90
AbM             10        20         30         40         50  a      60        70        80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
518      EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKAS GYTFTDYNIN WVKQSHGKSLEWIG YIYPYIGGSG
YNQKFKSKATLSADNPSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCAR
         *   *   * **       *                    * ** **   *              *   **** *** ***  *    *  *   *
1-46*01  QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H1   QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWMG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H2   QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWIG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H3   QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWIG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRATLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h518H4   QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKAS GYTFTDYNIN WVRQAPGQGLEWIG YIYPYIGGSG
YAQKFQGRATLTADNSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
                   V                    #                              N

sec      100        110       120
AbM                     110
                    i   b b b
518      EDKTARNAMDY WGQGTPVTVSS (SEQ ID NO: 1561)
                         *     (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1562)
h518H1   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1563)
h518H2   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1564)
h518H3   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1565)
h518H4   EDKTARNAMDY WGQGTLVTVSS              # (SEQ ID NO: 1566)
# sustituciones de deamidación: Q/S/A
```

Figura 16B

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.518 VL

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGKV1-39*01

IGKV1-39*01
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPP
(SEQ ID NO: 1567)

Región de unión IMGT J00242|IGKJ2*01|YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1568)

```
sec                 10        20        30        40        50        60        70        80
AbM                10        20        30        40        50        60        70        80
           b b b    p p     p b b  b   b   bi bi i    ii ibbi      i   b   b        b b b  b    ib
bib
518        DIQMTQSPASLSVSVGETVTIIC RVSENIYSNLA WYQQKQGKSPQLLVY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQSEDFGSYYC
                   *   *   **   *                  *  * *  *                      *** * *   *
**
IGKV1-39   DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASQSISSYLN WYQQKPGKAPKLLIY AASSLQS
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h518L1     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RVSENIYSNLA WYQQKPGKAPKLLIY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h518L2     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RVSENIYSNLA WYQQKPGKAPKLLIY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDFATYYC
h518L3     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RVSENIYSNLA WYQQKPGKAPKLLVY EATNLAE
GVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDFGTYYC
                      V              #   #          S         #

sec         90        100
AbM        90        100
           ibi  iib  i   b b b
518        QHFWGTPYT FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 1569)
                     *
IGKV1-39   QQSYSTPP (SEQ ID NO: 1570)
h518L1     QHFWGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1571)
h518L2     QHFWGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1572)
h518L3     QHFWGTPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1573)
             @
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A/D
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 16C

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.538_1 VH

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01
IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1574)
Región de unión IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1575)

```
sec              10        20         30         40         50         60        70        80        90
AbM             10        20         30         40         50  a      60        70        80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
538_1   QVQLQQSGAELVRPGASVKVSCKTS GYAFTNYLIE WVKQRPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YNDKFKVKTTLTADKSSSTAYMQLSSLTSDDSAVYFCAR
           *     ***          *              * *       *              **  **** * * * *  *  *    * * *   *
1-46*01 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H1 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWMG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H2 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H3 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5381H4 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTS GYAFTNYLIE WVRQAPGQGLEWIG VINPGSGGIY
YAQKFQGRVTLTADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR
                  V                  #                    #         N      T                         F

sec     100        110
AbM                110
                   i   b b b
538_1   SETHDTWFAY WGQGTLVTVSA (SEQ ID NO: 1576)
                          * (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1577)
h5381H1 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1578)
h5381H2 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1579)
h5381H3 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1580)
h5381H4 SETHDTWFAY WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1581)
             @
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 16D

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.538_1 VL

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGKV1-39*01
IGKV1-39*01
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTPP (SEQ ID NO: 1582)

Región de unión IMGT J00242|IGKJ2*01|YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1583)

IGKV1-17*02
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISNLQPEDFATYYCLQHNSYPP (SEQ ID NO: 1584)

```
sec                10        20         30         40         50         60         70         80
AbM               10        20         30         40         50         60         70         80
           b b b    p p     p b b  b   b   bi bi i    ii ibbi     i   b   b        b b b  b    ib bib
538        DIVMTQSQKFISTSVGDRVSITC KASQSVRIAVA WFQQKPGQSPKALIY LASTRHT GVPDRFTGSGSGTDFTLTISNVQSEDLADYFC
             *    ***★ ★      *                 ★     **  ★              *  *             **  *  ★  *  ★
IGKV1-39   DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC RASQSISSYLN WYQQKPGKAPKLLIY AASSLQS GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h538L1     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC KASQSVRIAVA WYQQKPGKAPKLLIY LASTRHT GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC
h538L2     DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC KASQSVRIAVA WFQQKPGKAPKALIY LASTRHT GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSVQPEDFATYYC
                     I T                                S                                          L   F

sec         90         100
AbM        90        100
           ibi  iib  i   b b b
538        LQHWNYPYT FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 1585)
                     *
IGKV1-39   QQSYSTPP (SEQ ID NO: 1586)
h538L1     LQHWNYPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1587)
h538L2     LQHWNYPYT FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1588)
              @#
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A/D
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 16E

Secuencias humanizadas del anticuerpo CHA.7.538_2 VH

Secuencia humanizada potencial basada en el marco aceptor IMGT IGHV1-46*01
IGHV1-46*01
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGSTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 1589)
Región de unión
IMGT J00256|IGHJ4*01|YFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1590)

```
sec              10        20         30         40         50         60        70        80        90
AbM             10        20         30         40        50  a       60        70        80  abc       90
         b b b     p     p b b b   b b    b  bi i     i ibb  b          i  b   b b b x    b b b  b
bibibb
538_2   QVQLQQSGAELVRPGTSVKMSCKAA GYTFTNYWIG WVKQRPGHGLEWIG DIYPGGGYTN
YNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCAS
            *     **  *   *    *             * *  *    *             **  * ** * *   *  *  *    *   * *
*
1-46*01 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTSYYMH WVRQAPGQGLEWMG IINPSGGSTS
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5382H1 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTNYWIG WVRQAPGQGLEWMG DIYPGGGYTN
YAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR
h5382H2 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GYTFTNYWIG WVRQAPGQGLEWIG DIYPGGGYTN
YAQKFQGRVTMTADTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAS
h5382H3 QVQLVQSGAEVKKPGASVKMSCKAS GYTFTNYWIG WVRQAPGQGLEWIG DIYPGGGYTN
YAQKFQGRATLTADTSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAS
                  V                  # @                          #  N                              I

sec     100       110
AbM                 110
                   i   b b b
538_2   PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSA (SEQ ID NO: 1591)
                           *  (1-46*01 descrita como SEQ ID NO: 1592)
h5382H1 PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1593)
h5382H2 PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1594)
h5382H3 PYYGSSYGFAF WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1595)
```

sustituciones de deamidación: Q/S/A
@ sustituciones de oxidación de triptofano: Y/F/H

Figura 17A

Descripción	Secuencias
CHA.7.518 VH h518HH1 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYA QKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1596)
CHA.7.518 VH h518HH2 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEW**I**GYIYPYIGGSGYAQ KFQGRVTMT**A**DTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1597)
CHA.7.518 VH h518HH3 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVK**I**SCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEW**I**GYIYPYIGGSGYAQK FQGR**A**T**L**TADTSTST**A**YMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1598)
CHA.7.518 VH h518HH4 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEW**I**GYIYPYIGGSGYAQK FQGRATLTAD**N**STSTAYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1599)
CHA.7.518 VL h518HL1 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1600)
CHA.7.518 VL h518HL2 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSG SGSGTD**Y**TLTISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1601)
CHA.7.518 VL h518HL3 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLL**V**YEATNLAEGVPSRFS GSGSGTDYTLTISSLQPEDF**G**TYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1602)

Figura 17B

Descripción	Secuencias
CHA.7.538_1 VH h5381HH1 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWMGVINPGSGGIYYA QKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1603)
CHA.7.538_1 VH h5381HH2 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEW**I**GVINPGSGGIYYAQ KFQGRVTMT**A**DTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1604)
CHA.7.538_1 VH h5381HH3 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCK**T**SGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWIGVINPGSGGIYYAQ KFQGRVT**L**TADTSTST**A**YMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1605)
CHA.7.538_1 VH h5381HH4 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYAFTNYLIEWVRQAPGQGLEWIGVINPGSGGIYYAQ KFQGRVTLTAD**K**STSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARSETHDTWFAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1606)
CHA.7.538_1/538_2 VL h538HL1 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAWYQQKPGKAPKLLIYLASTRHTGVPSRFS GSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1607)
CHA.7.538_1/538_2 VL h538HL2 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAW**F**QQKPGKAPK**A**LIYLASTRHTGVPSRFSGSGS GTDFTLTISS**V**QPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1608)

Figura 17C

Descripción	Secuencias
CHA.7.538_2 VH h5382HH1 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYWIGWVRQAPGQGLEWMGDIYPGGGYTNY AQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARPYYGSSYGFAFWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1609)
CHA.7.538_2 VH h5382HH2 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYWIGWVRQAPGQGLEW**I**GDIYPGGGYTNYA QKFQGRVTMT**A**DTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCA**S**PYYGSSYGFAFWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1610)
CHA.7.538_2 VH h5382HH3 **humanizado**	QVQLVQSGAEVKKPGASVK**M**SCKASGYTFTNYWIGWVRQAPGQGLEWIGDIYPGGGYTNYA QKFQGR**A**T**L**TADTSTST**A**YMELSSLRSEDTAVYYCASPYYGSSYGFAFWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 1611)
CHA.7.538_1 /538_2 VL h538HL1 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAWYQQKPGKAPKLLIYLASTRHTGVPSRFS GSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1612)
CHA.7.538_1 /538_2 VL h538HL2 **humanizado**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVRIAVAW**F**QQKPGKAPK**A**LIYLASTRHTGVPSRFSGSGS GTDFTLTISS**V**QPEDFATYYCLQHWNYPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 1613)

Figura 18: Pares de CHA.7 VH-VL humanizado

Anticuerpo CHA.7.518		
	VH	VL
ch518	VH quim	VL quim
h518-1	h518HH1	h518HL1 (opcional)
h518-2	h518HH2	h518HL2
h518-3	h518HH3	h518HL2
h518-4	h518HH3	h518HL3
h518-5	h518HH4	h518HL3
Anticuerpo CHA.7.524		
	VH	VL
ch524	VH quim	VL quim
h524-1	h524HH1	h524HL1 (opcional)
h524-2	h524HH2	h524HL2
h524-3	h524HH3	h524HL3
h524-4	h524HH4	h524HL3
Anticuerpo CHA.7.530		
	VH	VL
ch530	VH quim	VL quim
h530-1	h530HH1	h530HL1 (opcional)
h530-2	h530HH2	h530HL2
h530-3	h530HH3	h530HL1
h530-4	h530HH3	h530HL2
h530-5	h530HH4	h530HL2
Anticuerpo CHA.7.538_1		
	VH	VL
ch538.1	VH quim	VL quim
h538.1-1	h538.1HH1	h538.1HL1 (opcional)
h538.1-2	h538.1HH2	h538.1HL2
h538.1-3	h538.1HH3	h538.1HL2
h538.1-4	h538.1HH4	h538.1HL2
Anticuerpo CHA.7.538_2		
	VH	VL
ch538.2	VH quim	VL quim
h538.2-1	h538.2HH1	h538.1HL1 (opcional)
h538.2-2	h538.2HH2	h538.1HL2
h538.2-3	h538.2HH3	h538.1HL2

Figura 19

```
NP_076975.2-Homosapiens              TPEVWVQVRMEATELSSFTIRCGFLGSGSISLVTVSWGGPNGAGGTTLAVLHPERGIRQW
XP_005549281.1-Macacafascicularis    TPEVWVQVQMEATELSSFTVHCGFLGPGSISLVTVSWGGPDGAGGTKLAVLHPELGTRQW
XP_003732227.1-Callithrixjacchus     TPEVWVQVQMKATELSSFIVHCGFLGSGSISLVTVSWGGPDGAGGTRLAVLHPELGTRQW
XP_001103603.1-Macacamulatta         TPEVWVQVQMEATELSSFTVHCGFLGPGSISLVTVSWGGPDGAGGTKLAVLHPELGTRQW
                                     ********.*:******* ::***** ************.***** ******* * ***

NP_076975.2-Homosapiens              APARQARWETQSSISLILEGSGASSPCANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSA
XP_005549281.1-Macacafascicularis    APARQARWETQSSISLALEDSGASSPFANTTFCCKFASFPEGSWESCGSLPPSSDPGLSA
XP_003732227.1-Callithrixjacchus     APAHQARWETQSSISLVLEEPGASSPSANTTFCCKFASFPEGSWEACGSLPPSSDPGLSA
XP_001103603.1-Macacamulatta         APARQARWETQSSISLALEDSGASSPFANTTFCCKFASFPEGSWESCGSLPPSSDPGLSA
                                     ***.************ **  ***** ******************.**************

NP_076975.2-Homosapiens              PPTPAPILRAD
XP_005549281.1-Macacafascicularis    PPTPVPILRAD
XP_003732227.1-Callithrixjacchus     PIL-----RAD
XP_001103603.1-Macacamulatta         PPTPVPILRAD
                                     *     ***
```

SEQ ID NOS: 1614-1617, respectivamente, en orden de aparición

Figura 20A

AB-407 (BOJ-5G4-F4)

Cadena pesada: Secuencia de aminoácidos (SEQ ID NO: 1618)

MEWNWVFLFLLSVTAGVHSQVQLQQSGAELAKPGSSVMISCKASGYTFTN
YAVHWIKQTTGQALEWTGYIAPGSGVTKYNEKFKGKATLTVDKSSTTAYMQLSSLTPVDTAVYYCASGTT
RFAYWGQGTLVTVSSAQTTAPSVYPLAPGCGDTTSSTVTLGCLVKG

Figura 20B

AB-407 (BOJ-5G4-F4)

Cadena pesada: secuencia de ADN (SEQ ID NO: 1619)

ATGGAATGGAACTGGGTCTTTCTCTTCCTCCTGTCAGTAACTGCAGGAGTCCACTCCCAGGTCCAGC
TGCAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGCAAAGCCTGGCTCTTCAGTGATGATTTCCTGCAAGGCTTCTG
G
TTACACCTTTACCAACTATGCTGTGCACTGGATAAAGCAGACGACTGGACAGGCCCTTGAGTGGACT
GGATATATTGCTCCTGGAAGTGGAGTTACTAAATACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCACATTGA
CTGTAGACAAATCCTCAACCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTGACACCTGTGGACACTGCGGT
CTATTACTGTGCAAGCGGAACTACGAGGTTTGCTTATTGGGGCCAAGGCACTCTGGTCACTGTCTCT
TCA GCCCAAACAACAGCCCCATCTGTCTATCCACTGGCTCCTGGATGTGGTGATACAACCAGC
TCCACGGTGACTCTGGGATGCCTGGTCAAGGGC

Figura 20C

AB-407 (BOJ-5G4-F4)

Cadena ligera: Secuencia de aminoácidos (SEQ ID NO: 1620)

METDTLLLWVLLLWVPGSTGDIVLTQSPALAVSLGQRATISCRASQSVSLSSYNLMQWYQQKPGQEP
KILIYDASNLPSGIPARFSGSGSGTDFTLTIDPVQADDIATYYCQQSKDDPLTFGSGTKLEIK

Figura 20D

AB-407 (BOJ-5G4-F4)

Cadena ligera: secuencia de ADN (SEQ ID NO: 1621)

ATGGAGACAGACACACTCCTGCTATGGGTGCTGCTGCTCTGGGTTCCAGGCTCCACTGGTGACATT
G
TGCTGACCCAGTCTCCTGCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCAGAGGGCCACAATCTCCTGTAGAGCCA
G
CCAAAGTGTCAGTTTATCCAGCTATAATCTCATGCAGTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGAACCC
AAAATCCTCATCTATGATGCATCCAACCTACCATCTGGGATCCCTGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGGT
CTGGGACAGACTTCACCCTCACCATTGATCCTGTGCAGGCTGATGATATTGCAACCTATTACTGTCA
GCAGAGTAAGGATGACCCGCTCACGTTCGGTTCTGGGACCAAGCTGGAGATCAAA

Figura 21A

Región constante de IgG1 humana

ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKA
LPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPV
LDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1622)

Región constante de IgG1 D265A humana

ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
EVTCVVVAVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKA
LPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPV
LDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1623)

Región constante de IgG1 N297A humana

ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKA
LPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPV
LDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1624)

Región constante de IgG2 humana

ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSNFGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTC
VVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAP
IEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSD
GSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1625)

Región constante de IgG3 humana

ASTKGPSVFPLAPCSRSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTQTYTCNVNHKPSNTKVDKRVELKTPLGDTTHTCPRCPEPKSCDTPPPCPRCPEPKSCDTPPP
CPRCPEPKSCDTPPPCPRCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFKWYVD
GVEVHNAKTKPREEQYNSTFRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKTKGQPREPQVYT
LPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESSGQPENNYNTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQG
NIFSCSVMHEALHNRFTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1626)

Figura 21B

Región constante de IgG4 humana (tipo salvaje)

ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPSCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
CVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPS
SIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
DGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1627)

Región constante de IgG4 humana (bisagra mutante S241P)

ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
CVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPS
SIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
DGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 1628)

Cadena ligera kappa humana

RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO: 1629)

Cadena ligera lambda humana

GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASS
YLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS (SEQ ID NO: 1630)

Figura 22

TIGIT ECD Humano

MMTGTIETTGNISAEKGGSIILQCHLSSTTAQVTQVNWEQQDQLLAICNADLGWHISPSFKDRVAPGPGL
GLTLQSLTVNDTGEYFCIYHTYPDGTYTGRIFLEVLESSVAEHGARFQIP (SEQ ID NO: 1631)

TIGIT ECD Cyno macaque

MMTGTIETTGNISAKKGGSVILQCHLSSTMAQVTQVNWEQHDHSLLAIRNAELGWHIYPAFKDRVAPGPG
LGLTLQSLTMNDTGEYFCTYHTYPDGTYRGRIFLEVLESSVAEHSARFQIP (SEQ ID NO: 1632)

PVR ECD Humano

DVVVQAPTQVPGFLGDSVTLPCYLQVPNMEVTHVSQLTWARHGESGSMAVFHQTQGPSYSESKRLEFVAA
RLGAELRNASLRMFGLRVEDEGNYTCLFVTFPQGSRSVDIWLRVLAKPQNTAEVQKVQLTGEPVPMARCV
STGGRPPAQITWHSDLGGMPNTSQVPGFLSGTVTVTSLWILVPSSQVDGKNVTCKVEHESFEKPQLLTVN
LTVYYPPEVSISGYDNNWYLGQNEATLTCDARSNPEPTGYNWSTTMGPLPPFAVAQGAQLLIRPVDKPIN
TTLICNVTNALGARQAELTVQVKEGPPSEHSGMSRN (SEQ ID NO: 1633)

Figura 23A: CPA.9.086

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1634
vhCDR1	GFTFSSYA	1635
vhCDR2	ISYAGEVK	1636
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1637
HC de longitud completa (IgG4(S241P))	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1638
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	1639
vlCDR1	SSNMGRRP	1640
vlCDR2	SQN	1641
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	1642
Cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	1643

Figura 23B: CPA.9.083

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTPVYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1644
vhCDR1	GFTFSSYA	1645
vhCDR2	ISYDGTPV	1646
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1647
HC de longitud completa (IgG4(S241P))	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTPVYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1648
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDGDRRSLQLGGGTQLAVLG	1649
vlCDR1	SSNMGRRP	1650
vlCDR2	SQN	1651
vlCDR3	AVWDGDRRSLQ	1652
Cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDGDRRSLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFY PGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTEC S	1653

Figura 23C: CHA.9.547.13

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	1654
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1655
vhCDR2	TISGGGTNTY	1656
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1657
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	1658
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS	1659
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	1660
vlCDR2	KASKSHT	1661
vlCDR3	QQGQSYPYT	1662
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS	1663
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 23D

CHA.9.547.18

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEW VATISGGSKGQYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	1664
vhCDR1	GFTFSSYI	1665
vhCDR2	ISGGSKGQ	1666
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	1667
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIY KASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYT FGQGTKLEIK	1668
vlCDR1	QSMAIW	1669
vlCDR2	KAS	1670
vlCDR3	QQGQSYPYT	1671

Figura 24A: CPA.9.018

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIRYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCAKEMLVQDYYYMDVWGQGTTVTVSS	1672
vhCDR1	GFTFSSYG	1673
vhCDR2	IRYDGSNK	1674
vhCDR3	AKEMLVQDYYYMDV	1675
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.018.H4(S241P)**)	QVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAFIRYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQ MNSLRAEDTAVYYCAKEMLVQDYYYMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNS GALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPS SIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKS RWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	1676
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQSPLSLPVSPGEPASISCRSSQNLLHRNGINYLNWYLQKPGQSPQLLIYWGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVE AEDVGVYYCMQGLQIPPTFGQGTKVDIKR	1677
vlCDR1	QNLLHRNGINY	1678
vlCDR2	WGS	1679
vlCDR3	MQGLQIPPT	1680
Cadena ligera de longitud completa (**CPA.9.018.H4(S41P)**)	DVVMTQSPLSLPVSPGEPASISCRSSQNLLHRNGINYLNWYLQKPGQSPQLLIYWGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVE AEDVGVYYCMQGLQIPPTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESV TEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1681

Figura 24B : CPA.9.027

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1682
vhCDR1	GFTFSSYA	1683
vhCDR2	ISYDGSNK	1684
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1685
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.027.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1686
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDSLSSLQLGGGTQLAVLG	1687
vlCDR1	SSNMGRRP	1688
vlCDR2	SQN	1689
vlCDR3	AVWDDSLSSLQ	1690
Cadena ligera de longitud completa **(CPA.9.027.H4(S 241P))**	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDSLSSLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFY PGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTEC S	1691

Figura 24C: CPA.9.049

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1692
vhCDR1	GFTFSSYA	1693
vhCDR2	ISYDGSNK	1694
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1695
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.049.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1696
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDSLFSLLLGGGTQLAVLG	1697
vlCDR1	SSNMGRRP	1698
vlCDR2	SQN	1699
vlCDR3	AVWDDSLFSLL	1700
Cadena ligera de longitud completa (**CPA.9.049.H4(S 241P)**)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDSLFSLLLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	1701

Figura 24D: CPA.9.057

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARQGAAAGNPFDIWGQGTMVTVSS	1702
vhCDR1	GGSISSSSYY	1703
vhCDR2	IYYSGST	1704
vhCDR3	ARQGAAAGNPFDI	1705
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.057.H4(S241P)**)	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARQGAAAGNPFDIWGQGTMVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAA LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDK RVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMT KNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHE ALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QSVLTQPPSVSGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVYWHQQLTGTAPKLLIYRNTQRPSGVPDRFSGSKSGTSA SLAIGGLRSEDEADYYCATWDDSLSAWVFGGGTKLTVLG	1707
vlCDR1	SSNIGSNF	1708
vlCDR2	RNT	1709
vlCDR3	ATWDDSLSAWV	1710
Cadena ligera de longitud completa **(CPA.9.057.H4(S241P))**	QSVLTQPPSVSGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNFVYWHQQLTGTAPKLLIYRNTQRPSGVPDRFSGSKSGTSA SLAIGGLRSEDEADYYCATWDDSLSAWVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	1711

Figura 24E: CPA.9.059

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGARYSYGQYPYWGQGTLVTVSS	1712
vhCDR1	GFTVSSNY	1713
vhCDR2	IYSGGST	1714
vhCDR3	ARGARYSYGQYPY	1715
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.059.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGARYSYGQYPYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVD KRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHN AKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEM TKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMH EALHNHYTQKSLSLSPGK	1716
Dominio variable ligero (vl)	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASHDISSLFSWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQTGVPSRFSGSASGTEFTLTI SSLQPEDFATYYCLQLDSFPTWTFGQGTKVEIKR	1717
vlCDR1	HDISSL	1718
vlCDR2	AAS	1719
vlCDR3	LQLDSFPTWT	1720
Cadena ligera de longitud completa **(CPA.9.059.H4(S 241P))**	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASHDISSLFSWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQTGVPSRFSGSASGTEFTLTI SSLQPEDFATYYCLQLDSFPTWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1721

Figura 24F: CPA.9.083

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTPVYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1722
vhCDR1	GFTFSSYA	1723
vhCDR2	ISYDGTPV	1724
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1725
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.083.H4(S241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGTPVYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1726
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDGDRRSLQLGGGTQLAVLG	1727
vlCDR1	SSNMGRRP	1728
vlCDR2	SQN	1729
vlCDR3	AVWDGDRRSLQ	1730
Cadena ligera de longitud completa **(CPA.9.083.H4(S241P))**	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDGDRRSLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFY PGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTEC S	1731

Figura 24G: CPA.9.086

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1732
vhCDR1	GFTFSSYA	1733
vhCDR2	ISYAGEVK	1734
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1735
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.086.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1736
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	1737
vlCDR1	SSNMGRRP	1738
vlCDR2	SQN	1739
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	1740
Cadena ligera de longitud completa (**CPA.9.086.H4(S 241P)**)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	1741

Figura 24H: CPA.9.089

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDRTPVYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1742
vhCDR1	GFTFSSYA	1743
vhCDR2	ISYDRTPV	1744
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1745
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.089.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDRTPVYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK	1746
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCATWDDSLPRLNFGGGTKLAVLG	1747
vlCDR1	SSNMGRRP	1748
vlCDR2	SQN	1749
vlCDR3	ATWDDSLPRLN	1750
Cadena ligera de longitud completa (**CPA.9.089.H4(S 241P)**)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCATWDDSLPRLNFGGGTKLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	1751

Figura 24I: CPA.9.093

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGDRKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	1752
vhCDR1	GFTFSSYA	1753
vhCDR2	ISYEGDRK	1754
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	1755
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.093.H4(S241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYEGDRKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	1756
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTSASLTISGLQSEDEAEYFCATWDDSTPHGVFGGGTKLAVLG	1757
vlCDR1	SSNMGRRP	1758
vlCDR2	SQN	1759
vlCDR3	ATWDDSTPHGV	1760
Cadena ligera de longitud completa (**CPA.9.093.H4(S241P)**)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTSASLTISGLQSEDEAEYFCATWDDSTPHGVFGGGTKLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	1761

Figura 24J: CPA.9.101

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGAPLFGQYPYWGQGTLVTVSS	1762
vhCDR1	GFTVSSNY	1763
vhCDR2	IYSGGST	1764
vhCDR3	ARGAPLFGQYPY	1765
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.101.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGAPLFGQYPYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAAL GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKR VESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKT KPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKN QVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEAL HNHYTQKSLSLSPGK	1766
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASHAIASLFSWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQTGVPSRFSGSASGTEFTLT ISSLQPEDFATYYCLQLDSFPTWTFGQGTKVEIKR	1767
vlCDR1	HAIASL	1768
vlCDR2	AAS	1769
vlCDR3	LQLDSFPTWT	1770
Cadena ligera de longitud completa **(CPA.9.101.H4(S 241P))**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASHAIASLFSWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQTGVPSRFSGSASGTEFTLT ISSLQPEDFATYYCLQLDSFPTWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1771

Figura 24K: CPA.9.103

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGARPNGQYPYWGQGTLVTVSS	1772
vhCDR1	GFTVSSNY	1773
vhCDR2	IYSGGST	1774
vhCDR3	ARGARPNGQYPY	1775
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CPA.9.103.H4(S 241P)**)	EVQLVETGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGARPNGQYPYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAA LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDK RVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMT KNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHE ALHNHYTQKSLSLSPGK	1776
Dominio variable ligero (vl)	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASHGIKSLFSWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQTGVPSRFSGSASGTEFTLTI SSLQPEDFATYYCLQLDSFPTWTFGQGTKVEIKR	1777
vlCDR1	HGIKSL	1778
vlCDR2	AAS	1779
vlCDR3	LQLDSFPTWT	1780
Cadena ligera de longitud completa **(CPA.9.103.H4(S 241P))**	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASHGIKSLFSWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQTGVPSRFSGSASGTEFTLTI SSLQPEDFATYYCLQLDSFPTWTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1781

Figura 24L:

BM26 hIgG4 (BM26-H4) (WO2016/028656A1, Clon 31C6)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNEKFKGKATLT SDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSS	1782
vhCDR1	GYTFSSYV	1783
vhCDR2	IDPYNDGA	1784
vhCDR3	ARGGPYGWYFDV	1785
HC de longitud completa (IgG4(S241P))	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNEKFKGKATLT SDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVD KRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHN AKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEM TKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMH EALHNHYTQKSLSLSPGK	1786
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQFSL KINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELK	1787
vlCDR1	EHIYSY	1788
vlCDR2	NAK	1789
vlCDR3	QHHFGSPLT	1790
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQFSL KINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1791

Figura 24M:

BM29 hIgG4 (BM29-H4) (US2016/0176963A1, Clon 22G2)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVHLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGIYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDVWGQGTTVTVSS	1792
vhCDR1	GGSVSSGIYY	1793
vhCDR2	IYYSGST	1794
vhCDR3	ARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDV	1795
HC de longitud completa (IgG4(S241P))	QVHLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGIYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPC SRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVD HKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWY VDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYT LPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGN VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	1796
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTL TISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPLFTFGPGTKVDIK	1797
vlCDR1	QSVSSY	1798
vlCDR2	DAS	1799
vlCDR3	QQRSNWPPLFT	1800
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTL TISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1801

Figura 24N: CHA.9.536.1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWMGGINPNNGGTSYAQKFQGRVTMTRDTSTST VYMELSSLRSEDTAVYYCARSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	1802
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1803
vhCDR2	GINPNNGGTS	1804
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1805
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.536.1.H4(S241P)**)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWMGGINPNNGGTSYAQKFQGRVTMTRDTSTST VYMELSSLRSEDTAVYYCARSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTV SWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPS VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEY KCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS DGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	1806
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPE DFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	1807
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1808
vlCDR2	SPSYRYT	1809
vlCDR3	QQHYSTPFT	1810
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.536.1.H4 (S241P)**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPE DFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQES VTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1811

Figura 24O: CHA.9.536.3

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRVTM TVDTSTS	1812
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1813
vhCDR2	GINPNNGGTS	1814
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1815
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRVTM TVDTSTS	1816
(IgG4(S241P) **CHA.9.536.3.H4(S241P)**)	TVYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT L	1817
	TISSLQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1818
vlCDR2	SPSYRYT	1819
vlCDR3	QQHYSTPFT	1820
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT L	1821
(CHA.9.536.1.H4 (S241P))	TISSLQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24P: CHA.9.536.4

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRVTM TVDTSTS	1822
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1823
vhCDR2	GINPNNGGTS	1824
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1825
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRVTM TVDTSTS	1826
(IgG4(S241P); **CHA.9.536.4.H4(S241P)**)	TVYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT F	1827
	TISSVQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1828
vlCDR2	SPSYRYT	1829
vlCDR3	QQHYSTPFT	1830
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT F	1831
(**CHA.9.536.4.H4 (S241P)**)	TISSVQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24Q: CHA.9.536.5

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDTSTS	1832
	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1833
vhCDR2	GINPNNGGTS	1834
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1835
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDTSTS	1836
(IgG4(S241P); **CHA.9.536.5.H4(S241P))**	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT L	1837
	TISSLQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1838
vlCDR2	SPSYRYT	1839
vlCDR3	QQHYSTPFT	1840
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT L	1841
(**CHA.9.536.5.H4 (S241P)**)	TISSLQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24R: CHA.9.536.6

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDTSTS	1842
	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1843
vhCDR2	GINPNNGGTS	1844
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1845
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDTSTS	1846
(IgG4(S241P); **CHA.9.536.6.H4(S241P))**	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT F	1847
	TISSVQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1848
vlCDR2	SPSYRYT	1849
vlCDR3	QQHYSTPFT	1850
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT F	1851
(**CHA.9.536.6.H4 (S241P)**)	TISSVQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24S: CHA.9.536.7

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDKSTS	1852
	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1853
vhCDR2	GINPNNGGTS	1854
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1855
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDKSTS	1856
(IgG4(S241P); **CHA.9.536.7.H4(S241P))**	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT L	1857
	TISSLQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1858
vlCDR2	SPSYRYT	1859
vlCDR3	QQHYSTPFT	1860
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.536.7.H4 (S241P)**)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT L TISSLQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1861

Figura 24T: CHA.9.536.8

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDKSTS	1862
	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTEYTLH	1863
vhCDR2	GINPNNGGTS	1864
vhCDR3	SGYYDYSFAY	1865
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTEYTLHWVRQAPGQGLEWIGGINPNNGGTSYAQKFQGRATLT VDKSTS	1866
(IgG4(S241P); **CHA.9.536.8.H4(S241P))**	TAYMELSSLRSEDTAVYYCAGSGYYDYSFAYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT F	1867
	TISSVQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQDVKNAVV	1868
vlCDR2	SPSYRYT	1869
vlCDR3	QQHYSTPFT	1870
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDVKNAVVWYQQKPGKAPKLLIYSPSYRYTGVPSRFSGSGSGTDFT F	1871
(**CHA.9.536.8.H4 (S241P)**)	TISSVQPEDFATYYCQQHYSTPFTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24U: CHA.9.560.1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVTMTRDTSTS	1872
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1873
vhCDR2	WINTYTGEPT	1874
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1875
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVTMTRDTSTS	1876
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.1.H4(S241P))**	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNHANWFQQKPGQAPRTLIYGTNGRGSWTPARFSGSLLGGKAALTL	1877
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	RSSTGAVTTSNHAN	1878
vlCDR2	GTNGRGS	1879
vlCDR3	ALWFSNHWV	1880
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNHANWFQQKPGQAPRTLIYGTNGRGSWTPARFSGSLLGGKAALTL	1881
(**CHA.9.560.1.H4 (S241P)**)	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24V: CHA.9.560.3

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVTMTLDTSTS	1882
	TAYMELSSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1883
vhCDR2	WINTYTGEPT	1884
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1885
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVTMTLDTSTS	1886
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.3.H4(S241P)**)	TAYMELSSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSWTPARFSGSLLGGKAALTI	1887
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	GSSTGAVTTSNHAN	1888
vlCDR2	GTNGRGS	1889
vlCDR3	ALWFSNHWV	1890
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSWTPARFSGSLLGGKAALTI	1891
(CHA.9.560.3.H4(S241P))	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24W: CHA.9.560.4

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVTMTLDTSTS	1892
	TAYMELSSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1893
vhCDR2	WINTYTGEPT	1894
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1895
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVTMTLDTSTS	1896
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.4.H4(S241P)**)	TAYMELSSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSGVPARFSGSLLGGKAALTI	1897
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	GSSTGAVTTSNHAN	1898
vlCDR2	GTNGRGS	1899
vlCDR3	ALWFSNHWV	1900
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSGVPARFSGSLLGGKAALTI	1901
(**CHA.9.560.4.H4 (S241P)**)	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24X: CHA.9.560.5

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDTSTS	1902
	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1903
vhCDR2	WINTYTGEPT	1904
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1905
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDTSTS	1906
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.5.H4(S241P))**	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSWTPARFSGSLLG GKAALTI	1907
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	GSSTGAVTTSNHAN	1908
vlCDR2	GTNGRGS	1909
vlCDR3	ALWFSNHWV	1910
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSWTPARFSGSLLG GKAALTI	1911
(**CHA.9.560.5.H4 (S241P)**)	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVA WKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24Y: CHA.9.560.6

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDTSTS	1912
	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1913
vhCDR2	WINTYTGEPT	1914
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1915
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDTSTS	1916
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.6.H4(S241P))**	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSGVPARFSGSLLGG KAALTI	1917
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	GSSTGAVTTSNHAN	1918
vlCDR2	GTNGRGS	1919
vlCDR3	ALWFSNHWV	1920
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSGVPARFSGSLLGG KAALTI	1921
(**CHA.9.560.6.H4 (S241P)**)	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVA WKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24Z: CHA.9.560.7

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDASTS	1922
	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1923
vhCDR2	WINTYTGEPT	1924
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1925
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDTSTS	1926
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.7.H4(S241P))**	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSWTPARFSGSLLG GKAALTI	1927
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	GSSTGAVTTSNHAN	1928
vlCDR2	GTNGRGS	1929
vlCDR3	ALWFSNHWV	1930
Cadena ligera de longitud completa **(CHA.9.560.7.H4 (S241P))**	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSWTPARFSGSLLG GKAALTI	1931
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVA WKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24AA: CHA.9.560.8

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDASTS	1932
	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTFTNYGMN	1933
vhCDR2	WINTYTGEPT	1934
vhCDR3	GNGYYVGMDY	1935
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTF TLDASTS	1936
(IgG4(S241P); **CHA.9.560.8.H4(S241P))**	TAYLEISSLRSEDTAVYYCSRGNGYYVGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSGVPARFSGSLLGG KAALTI	1937
	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVL	
vlCDR1	GSSTGAVTTSNHAN	1938
vlCDR2	GTNGRGS	1939
vlCDR3	ALWFSNHWV	1940
Cadena ligera de longitud completa	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNHANWVQQKPGQAFRGLIRGTNGRGSGVPARFSGSLLGG KAALTI	1941
(**CHA.9.560.8.H4 (S241P)**)	SGAQPEDEAEYYCALWFSNHWVFGGGTKLTVLQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVA WKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	

Figura 24AB: CHA.9.546.1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1942
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCARWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1943
vhCDR2	TISGGGTNTY	1944
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1945
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1946
(IgG4(S241P); **CHA.9.546.1.H4(S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCARWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1947
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	1948
vlCDR2	KASNLHT	1949
vlCDR3	QQGQSYPYT	1950
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1951
(**CHA.9.546.1.H4 (S241P)**)	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AC: CHA.9.547.1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1952
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1953
vhCDR2	TISGGGTNTY	1954
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1955
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1956
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.1.H4(S241P))**	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1957
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	1958
vlCDR2	KASNLHT	1959
vlCDR3	QQGQSYPYT	1960
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.547.1.H4 (S241P)**)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	1961

Figura 24AD: CHA.9.547.2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1962
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1963
vhCDR2	TISGGGTNTY	1964
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1965
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1966
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.2.H4(S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1967
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	1968
vlCDR2	KASNLHT	1969
vlCDR3	QQGQSYPYT	1970
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1971
(CHA.9.547.2.H4(S241P))	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AE: CHA.9.547.3

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1972
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1973
vhCDR2	TISGGGTNTY	1974
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1975
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1976
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.3.H4(S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1977
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	1978
vlCDR2	KASNLHT	1979
vlCDR3	QQGQSYPYT	1980
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1981
(**CHA.9.547.3.H4 (S241P)**)	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AF: CHA.9.547.4

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1982
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1983
vhCDR2	TISGGGTNTY	1984
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1985
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1986
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.4.H4(S241P))**	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1987
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	1988
vlCDR2	KASNLHT	1989
vlCDR3	QQGQSYPYT	1990
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1991
CHA.9.547.4.H4(S241P))	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AG: CHA.9.547.6

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1992
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	1993
vhCDR2	TISGGGTNTY	1994
vhCDR3	WLLSYYAMDY	1995
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	1996
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.6.H4(S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	1997
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	1998
vlCDR2	KASKSHT	1999
vlCDR3	QQGQSYPYT	2000
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2001
(**CHA.9.547.6.H4(S241P)**)	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AH: CHA.9.547.7

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN	2002
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2003
vhCDR2	TISGGGTNTY	2004
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2005
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN	2006
(IgG4(S241P) para CHA.9.547.7.H4(S241P))	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS	2007
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	2008
vlCDR2	KASKSHT	2009
vlCDR3	QQGQSYPYT	2010
Cadena ligera de longitud completa para CHA.9.547.7.H4(S241P)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS	2011
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AI: CHA.9.547.8

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2012
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2013
vhCDR2	TISGGGTNTY	2014
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2015
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2016
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.8.H4(S241P))**	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2017
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	2018
vlCDR2	KASKSHT	2019
vlCDR3	QQGQSYPYT	2020
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2021
(**CHA.9.547.8.H4 (S241P)**)	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AJ: CHA.9.547.9

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2022
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2023
vhCDR2	TISGGGTNTY	2024
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2025
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2026
(IgG4(S241P); **CHA.9.547.9.H4(S241P))**	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2027
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLT	2028
vlCDR2	KASKSHT	2029
vlCDR3	QQGQSYPYT	2030
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.547.9.H4 (S241P)**)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLTWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2031
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AK: CHA.9.541.1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVT MTRDTSTS	2032
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2033
vhCDR2	WINTYTGEPT	2034
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2035
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRVT MTRDTSTS	2036
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.1.H4(S241P)**)	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDFTLT ISSL	2037
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2038
vlCDR2	DTSKLAS	2039
vlCDR3	FQGSGYPLT	2040
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDFTLT ISSL	2041
(CHA.9.541.1.H4 (S241P))	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AL: CHA.9.541.3

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS	2042
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2043
vhCDR2	WINTYTGEPT	2044
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2045
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS	2046
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.3.H4(S241P))**	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL	2047
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2048
vlCDR2	DTSKLAS	2049
vlCDR3	FQGSGYPLT	2050
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL	2051
(**CHA.9.541.3.H4 (S241P)**)	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AM: CHA.9.541.4

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS	2052
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2053
vhCDR2	WINTYTGEPT	2054
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2055
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS	2056
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.4.H4(S241P))**	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL	2057
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2058
vlCDR2	DTSKLAS	2059
vlCDR3	FQGSGYPLT	2060
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.4.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2061

Figura 24AN CHA.9.541.5

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS	2062
	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2063
vhCDR2	WINTYTGEPT	2064
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2065
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS	2066
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.5.H4(S241P)**)	TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM	2067
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2068
vlCDR2	DTSKLAS	2069
vlCDR3	FQGSGYPLT	2070
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM	2071
(**CHA.9.541.5.H4 (S241P)**)	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AO: CHA.9.541.6

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTITLDTSTS	2072
	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2073
vhCDR2	WINTYTGEPT	2074
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2075
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTITLDTSTS	2076
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.6.H4(S241P))**	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLTISSL	2077
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2078
vlCDR2	DTSKLAS	2079
vlCDR3	FQGSGYPLT	2080
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.6.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLTISSL	2081
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AP: CHA.9.541.7

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS	2082
	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2083
vhCDR2	WINTYTGEPT	2084
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2085
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS	2086
(IgG4(S241P) **CHA.9.541.7.H4(S241P)**)	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL	2087
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2088
vlCDR2	DTSKLAS	2089
vlCDR3	FQGSGYPLT	2090
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL	2091
(**CHA.9.541.7.H4 (S241P)**)	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AQ: CHA.9.541.8

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS	2092
	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2093
vhCDR2	WINTYTGEPT	2094
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2095
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS	2096
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.8.H4(S241P))**	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM	2097
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2098
vlCDR2	DTSKLAS	2099
vlCDR3	FQGSGYPLT	2100
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM	2101
(**CHA.9.541.8.H4 (S241P)**)	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AR: CHA.9.547.10

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2102
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2103
vhCDR2	TISGGGTNTY	2104
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2105
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2106
for **CHA.9.547.10.H4 (S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2107
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	2108
vlCDR2	KASKSHT	2109
vlCDR3	QQGQSYPYT	2110
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2111
Para **CHA.9.547.10.H4 (S241P)**	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AS: CHA.9.547.11

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2112
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2113
vhCDR2	TISGGGTNTY	2114
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2115
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2116
for **CHA.9.547.11.H4 (S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2117
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	2118
vlCDR2	KASKSHT	2119
vlCDR3	QQGQSYPYT	2120
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2121
Para **CHA.9.547.11.H4 (S241P)**)	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AT: CHA.9.547.12

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2122
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2123
vhCDR2	TISGGGTNTY	2124
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2125
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2126
Para **CHA.9.547.12.H4 (S241P)**)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2127
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	2128
vlCDR2	KASKSHT	2129
vlCDR3	QQGQSYPYT	2130
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2131
for **CHA.9.547.12.H4 (S241P)**)	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AU: CHA.9.547.13

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2132
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2133
vhCDR2	TISGGGTNTY	2134
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2135
HC de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2136
for CHA.9.547.13.H4 (S241P)	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2137
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	2138
vlCDR2	KASKSHT	2139
vlCDR3	QQGQSYPYT	2140
Cadena ligera de longitud completa para CHA.9.547.13.H4 (S241P)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2141
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24AV: CHA.9.543

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGASMKISCKASGYSFTGYTMNWVRQSHGKNLEWLGLIFPYNGGTSYNQNFKGKATLT VDTSSSTAYMELLSLTSVDSAVYYCARGVRFALDYWGQGTSVSVSS	2142
vhCDR1	GYSFTGYTMN	2143
vhCDR2	LIFPYNGGTS	2144
vhCDR3	GVRFALDY	2145
HC de longitud completa for **CHA.9.543.H4(S 241P)**)	Hibridoma de ratón, secuencia no disponible	
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQTPLSLPVSFGDQVSISCRSSQSLANSYGNTYLSWYLHKPGQSPQLLIYEISNRFSGVPDRFSGSGSG TDFTLNISTIKPEDLGMYYCLQGTHQPWTFGGGTKLEIK	2146
vlCDR1	RSSQSLANSYGNTYLS	2147
vlCDR2	EISNRFS	2148
vlCDR3	LQGTHQPWT	2149
Cadena ligera de longitud completa for **CHA.9.543.H4(S 241P)**)	Hibridoma de ratón, secuencia no disponible	

Figura 24AW: BM26 ratón IgG1 (BM26-M1) (WO2016/028656A1, Clon 31C6)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNEKFKGKATLT SDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSS	2150
vhCDR1	GYTFSSYV	2151
vhCDR2	IDPYNDGA	2152
vhCDR3	ARGGPYGWYFDV	2153
HC de longitud completa	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNEKFKGKATLT SDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSSAKTTPPSVYPLAPGSAAQTNSMV TLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGSLSSGVHTFPAVLQSDLYTLSSSVTVPSSTWPSETVTCNVAHPASSTKVDK KIVPRDCGCKPCICTVPEVSSVFIFPPKPKDVLTITLTPKVTCVVVDISKDDPEVQFSWFVDDVEVHTAQTQPR EEQFNSTFRSVSELPIMHQDWLNGKEFKCRVNSAAFPAPIEKTISKTKGRPKAPQVYTIPPPKEQMAKDKVSL TCMITDFFPEDITVEWQWNGQPAENYKNTQPIMDTDGSYFVYSKLNVQKSNWEAGNTFTCSVLHEGLHNHH TEKSLSHSPGK	2154
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQFSL KINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELK	2155
vlCDR1	EHIYSY	2156
vlCDR2	NAK	2157
vlCDR3	QHHFGSPLT	2158
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQFSL KINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELKRADAAPTVSIFPPSSEQLTSGGASVVCFLNNFYPKDINVK WKIDGSERQNGVLNSWTDQDSKDSTYSMSSTLTLTKDEYERHNSYTCEATHKTSTSPIVKSFNRNEC	2159

Figura 24AX: BM29 ratón IgG1 (BM29-M1) (US2016/0176963A1, Clon 22G2)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVHLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGIYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDVWGQGTTVTVSS	2160
vhCDR1	GGSVSSGIYY	2161
vhCDR2	IYYSGST	2162
vhCDR3	ARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDV	2163
HC de longitud completa	QVHLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGIYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDVWGQGTTVTVSSAKTTPPSVYPLAPG SAAQTNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGSLSSGVHTFPAVLQSDLYTLSSSVTVPSSTWPSETVTCNVAH PASSTKVDKKIVPRDCGCKPCICTVPEVSSVFIFPPKPKDVLTITLTPKVTCVVVDISKDDPEVQFSWFVDDVEV HTAQTQPREEQFNSTFRSVSELPIMHQDWLNGKEFKCRVNSAAFPAPIEKTISKTKGRPKAPQVYTIPPPKEQ MAKDKVSLTCMITDFFPEDITVEWQWNGQPAENYKNTQPIMDTDGSYFVYSKLNVQKSNWEAGNTFTCSVL HEGLHNHHTEKSLSHSPGK	2164
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTL TISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPLFTFGPGTKVDIK	2165
vlCDR1	QSVSSY	2166
vlCDR2	DAS	2167
vlCDR3	QQRSNWPPLFT	2168
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTL TISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPLFTFGPGTKVDIKRADAAPTVSIFPPSSEQLTSGGASVVCFLNNFYPKDIN VKWKIDGSERQNGVLNSWTDQDSKDSTYSMSSTLTLTKDEYERHNSYTCEATHKTSTSPIVKSFNRNEC	2169

Figura 24AY: CHA.9.541.3

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2170
vhCDR1	GYTITNYGMN	2171
vhCDR2	WINTYTGEPT	2172
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2173
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.3.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	2174
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2175
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2176
vlCDR2	DTSKLAS	2177
vlCDR3	FQGSGYPLT	2178
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.3.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2179

Figura 24AZ: CHA.9.541.4

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2180
vhCDR1	GYTITNYGMN	2181
vhCDR2	WINTYTGEPT	2182
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2183
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.4.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	2184
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2185
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2186
vlCDR2	DTSKLAS	2187
vlCDR3	FQGSGYPLT	2188
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.4.H4(S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2189

Figura 24BA CHA.9.541.5

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2190
vhCDR1	GYTITNYGMN	2191
vhCDR2	WINTYTGEPT	2192
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2193
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.5.H4(S241P)**)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	2194
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2195
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2196
vlCDR2	DTSKLAS	2197
vlCDR3	FQGSGYPLT	2198
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.5.H4(S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2199

Figura 24BB: CHA.9.541.6

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2200
vhCDR1	GYTITNYGMN	2201
vhCDR2	WINTYTGEPT	2202
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2203
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.6.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2204
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2205
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2206
vlCDR2	DTSKLAS	2207
vlCDR3	FQGSGYPLT	2208
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.6.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2209

Figura 24BC: CHA.9.541.7

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2210
vhCDR1	GYTITNYGMN	2211
vhCDR2	WINTYTGEPT	2212
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2213
HC de longitud completa (IgG4(S241P) **CHA.9.541.7.H4(S241P)**)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2214
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2215
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2216
vlCDR2	DTSKLAS	2217
vlCDR3	FQGSGYPLT	2218
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.7.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2219

Figura 24BD: CHA.9.541.8

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS	2220
	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GYTITNYGMN	2221
vhCDR2	WINTYTGEPT	2222
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2223
HC de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS	2224
(IgG4(S241P); **CHA.9.541.8.H4(S241P))**	TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM	2225
	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2226
vlCDR2	DTSKLAS	2227
vlCDR3	FQGSGYPLT	2228
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM	2229
(**CHA.9.541.8.H4 (S241P)**)	EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	

Figura 24BE: CHA.9.547.10

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2230
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2231
vhCDR2	TISGGGTNTY	2232
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2233
HC de longitud completa for **CHA.9.547.10.H4 (S241P)**)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2235
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	2236
vlCDR2	KASKSHT	2237
vlCDR3	QQGQSYPYT	2238
Cadena ligera de longitud completa Para **CHA.9.547.10.H4 (S241P)**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2239

Figura 24BF: CHA.9.547.11

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKN	2240
	TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2241
vhCDR2	TISGGGTNTY	2242
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2243
HC de longitud completa for **CHA.9.547.11.H4 (S241P)**)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS	2245
	LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	
vlCDR1	RASQNINVWLS	2246
vlCDR2	KASKSHT	2247
vlCDR3	QQGQSYPYT	2248
Cadena ligera de longitud completa Para **CHA.9.547.11.H4 (S241P)**)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2249

Figura 24BG

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:10 de US2017281764)	DVQLVESGGGLVQPGGSRKLSCAASGFTFSNFGMHWVRQAPEKGLEWVAFISSGSS SIYYADTVKGRFTISRDNPKNTLFLQMTSLRSEDTAMYYCARMRLDYYAMDYWGQ GTSVTVSS	2250
vhCDR1 (SEQ ID NO:11 de US2017281764)	NFGMH	2251
vhCDR2 (SEQ ID NO:12 de US2017281764)	FISSGSSSIYYADTVKG	2252
vhCDR3 (SEQ ID NO:13 de US2017281764)	MRLDYYAMDY	2253
Cadena ligera (SEQ ID NO:14 de US2017281764)	DVQITQSPSYLAASPGETITINCRASKSISKYLAWYQEKPGKTNKLLIYSGSTLQSGIPS RFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAMYYCQQHNEYPWTFGGGTKLEIK	2254
vlCDR1 (SEQ ID NO:15 de US2017281764)	RASKSISKYLA	2255
vlCDR2 (SEQ ID NO:16 de US2017281764)	SGSTLQS	2256
vlCDR3 (SEQ ID NO:17 de US2017281764)	QQHNEYPWT	2257

Figura 24BH

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:18 de US2017281764)	EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKTSGYTFTEYTMHWVKQSHGKNLEWIGGINPNNG GTSYNQKFKGRATLTVDKSSSTAYMELRSLTSDDSAVYYCARPGWYNYAMDYWG QGTSVTVSS	2258
vhCDR1 (SEQ ID NO:19 de US2017281764)	EYTMH	2259
vhCDR2 (SEQ ID NO:20 de US2017281764)	GINPNNGGTSYNQKFKG	2260
vhCDR3 (SEQ ID NO:21 de US2017281764)	PGWYNYAMDY	2261
Cadena ligera (SEQ ID NO:22 de US2017281764)	DIVMTQSHKFMSTSVGDRVNITCKASQGVSTAVAWYQQKPGQSPKLLIYSASYRYT GVPDRFTGSGSGTDFTFTISSVQAEDLAVYHCQQHYITPWTFGGGTKLEIK	2262
vlCDR1 (SEQ ID NO:23 de US2017281764)	KASQGVSTAVA	2263
vlCDR2 (SEQ ID NO:24 de US2017281764)	SASYRYT	2264
vlCDR3 (SEQ ID NO:25 de US2017281764)	QQHYITPWT	2265

Figura 24BI

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:26 de US2017281764)	EVQLVESGGGLVKPGGSLKLSCAASGFAFSDYDMSWVRQTPEKRLEWVAYISDGGY NTYYPDTVKGRFTISRDNAKNTLYLQMSSLKSEDTAIYYCARQILLRYYFDYWGQGT TLTVSS	2266
vhCDR1 (SEQ ID NO:27 de US2017281764)	DYDMS	2267
vhCDR2 (SEQ ID NO:28 de US2017281764)	YISDGGYNTYYPDTVKG	2268
vhCDR3 (SEQ ID NO:29 de US2017281764)	QILLRYYFDY	2269
Cadena ligera (SEQ ID NO:30 de US2017281764)	DIVMSQSPSSLAVSVGEKVTMTCKSSQSLLYSSNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYW ASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVKAEDLAVYYCQQYHSYPWTFGGGTKLEIK	2270
vlCDR1 (SEQ ID NO:31 de US2017281764)	KSSQSLLYSSNQKNYLA	2271
vlCDR2 (SEQ ID NO:32 de US2017281764)	WASTRES	2272
vlCDR3 (SEQ ID NO:33 de US2017281764)	QQYHSYPWT	2273

Figura 24BJ

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:35 de US2017281764)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFGMHWVRQAPGKGLEWVAFISSGSSS IYYADTVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARMRLDYYAMDYWGQ GTMVTVSS	2274
Cadena ligera (SEQ ID NO:37 de US2017281764)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASKSISKYLAWYQQKPGKAPKLLIYSGSTLQSGV PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQHNEYPWTFGGGTKVEIK	2275

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:34 de US2017281764)	MDSRLNLVFLVLILKGVQCEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFGMHWV RQAPGKGLEWVAFISSGSSSIYYADTVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVY YCARMRLDYYAMDYWGQGTMVTVSS	2276
Cadena ligera (SEQ ID NO:36 de US2017281764)	MRFQVQVLGLLLLWISGAQCDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASKSISKYLAWYQ QKPGKAPKLLIYSGSTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQHNEYP WTFGGGTKVEIK	2277

Figura 24BK

De WO2015009856 (GENENTECH, INC. y F. HOFFMANN-LA ROCHE AG; véase además, WO2016011264)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:15 de WO2015009856)	EVQLVESGGGLTQPGKSLKLSCEASGFTFSSFTMHWVRQSPGKGLEWVAFIRSGSGI VFYADAVRGRFTISRDNAKNLLFLQMNDLKSEDTAMYYCARRPLGHNTFDSWGQGTL VTVSS	2278
vhCDR1 (SEQ ID NO:4 de WO2015009856)	GFTFSSFTMH	2279
vhCDR2 (SEQ ID NO:5 de WO2015009856)	FIRSGSGIVFYADAVRG	2280
vhCDR3 (SEQ ID NO:6 de WO2015009856)	RPLGHNTFDS	2281
Cadena ligera (SEQ ID NO:13 de WO2015009856)	DIVMTQSPSSLAVSPGEKVTMTCKSSQSLYYSGVKENLLAWYQQKPGQSPKLLIYYAS IRFTGVPDRFTGSGSGTDYTLTITSVQAEDMGQYFCQQGINNPLTFGDGTKLEIKR	2282
vlCDR1 (SEQ ID NO:1 de WO2015009856)	KSSQSLYYSGVKENLLA	2283
vlCDR2 (SEQ ID NO:2 de WO2015009856)	ASIRFT	2284
vlCDR3 (SEQ ID NO:3 de WO2015009856)	QQGINNPLT	2285

Figura 24BL

De WO2015009856 (GENENTECH, INC. y F. HOFFMANN-LA ROCHE AG; véase además, WO2016011264)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:16 de WO2015009856)	EVQLQQSGPELVKPGTSMKISCKASGYSFTGHLMNWVKQSHGKNLEWIGLIIPYNGG TSYNQKFKGKATLTVDKSSSTAYMELLSLTSDDSAVYFCSRGLRGFYAMDYWGQGTS VTVSS	2286
vhCDR1 (SEQ ID NO:10 de WO2015009856)	GYSFTGHLMN	2287
vhCDR2 (SEQ ID NO:11 de WO2015009856)	LIIPYNGGTSYNQKFKG	2288
vhCDR3 (SEQ ID NO:12 de WO2015009856)	GLRGFYAMDY	2289
Cadena ligera (SEQ ID NO:14 de WO2015009856)	DVVLTQTPLSLSVSFGDQVSISCRSSQSLVNSYGNTFLSWYLHKPGQSPQLLIFGISNR FSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISTIKPEDLGMYYCLQGTHQPPTFGPGTKLEVK	2290
vlCDR1 (SEQ ID NO:7 de WO2015009856)	RSSQSLVNSYGNTFLS	2291
vlCDR2 (SEQ ID NO:8 de WO2015009856)	GISNRFS	2292
vlCDR3 (SEQ ID NO:9 de WO2015009856)	LQGTHQPPT	2293

Figura 24BM

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs											
Ab	VH GL	CDR-H1[1] (SEQ ID NOS 2294-2298)	CDR-H2[2] (SEQ ID NOS 2299-2303)	CDR-H3[3] (SEQ ID NOS 2304-2308)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2309-2313)	VL GL	CDR-L1[4] (SEQ ID NOS 2314-2318)	CDR-L2[5] (SEQ ID NOS 2319-2323)	CDR-L3[6] (SEQ ID NOS 2324-2328)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2329-2333)
MAB1-IgG4	VH 4-39	GSITSSSYYWG (SEQ ID NO 48)	SIYYSGATFYNPSLKS (SEQ ID NO 36)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSITSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGATFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 4)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MAB2-IgG4	VH 4-39	GSISSSKYYWG (SEQ ID NO 49)	SIYYSGSTFYNPSLKS (SEQ ID NO 37)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSKYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 5)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MAB3-IgG4	VH 4-39	GSISSTSHYWG (SEQ ID NO 50)	SIYYSGSTFYNPSLKS (SEQ ID NO 37)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSTSHYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 6)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQID O:67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MAB4-IgG4	VH 4-39	GSISSTSHYWG (SEQ ID NO 50)	SIYYSGSTFYNPSLKS (SEQ ID NO 37)	ARDANYYGGAWAFDP (SEQ ID NO 30)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSTSHYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGGAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 7)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MARS-IgG4	VH 4-39	GSISSTSHYWG (SEQ ID NO 50)	SIYYSGSTFYNPSLKG (SEQ ID NO 38)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSTSHYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKGRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 8)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)

[1] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[2] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[3] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[4] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[5] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[6] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24BN

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

		Secuencias y líneas germinales (GL) de TIGIT ABPs								
Ab	VH GL	CDR-H1[7] (SEQ ID NOS 2334-2338)	CDR-H2[8] (SEQ ID NOS 2339-2343)	CDR-H3[9] (SEQ ID NOS 2344-2348)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2349-2353)	VL GL	CDR-L1[10] (SEQ ID NOS 2354-2358)	CDR-L2[11] (SEQ ID NOS 2359-2363)	CDR-L3[12] (SEQ ID NOS 2364-2368)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2369-2373)
MAB6-IgG4	VH 4-39	GSIESGSYYWG (SEQ ID NO 51)	SIYYSGGTYYNPSLKS (SEQ ID NO 39)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSIESGSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGGTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 9)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB7-IgG4	VH 4-31	GSIESGVYYWG (SEQ ID NO 52)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGVYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 10)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB8-IgG4	VH 4-39	GSIASGSYYWG (SEQ ID NO 53)	SIYYSGQTYYNPSLKS (SEQ ID NO 41)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSIASGSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGQTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 11)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB9-IgG4	VH 4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 12)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB10-IgG4	VH 4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLALNKRSFDI (SEQ ID NO 32)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRATISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLALNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 13)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)

[7] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[8] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[9] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[10] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[11] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[12] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24BO

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs

Ab	VH GL	CDR-H1[13] (SEQ ID NOS 2374-2378)	CDR-H2[14] (SEQ ID NOS 2379-2383)	CDR-H3[15] (SEQ ID NOS 2384-2388)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2389-2393)	VL GL	CDR-L1[16] (SEQ ID NOS 2394-2398)	CDR-L2[17] (SEQ ID NOS 2399-2403)	CDR-L3[18] (SEQ ID NOS 2404-2408)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2409-2413)
MAB11-IgG4	VH4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLALNKRSFDI (SEQ ID NO 32)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLALNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 14)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB12-IgG4	VH4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLALNKRSFDI (SEQ ID NO 32)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTASGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLALNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 15)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB13-IgG4	VH1-46	YTFGNYYMH (SEQ ID NO 58)	IINPSLGLTSYAQKFQG (SEQ ID NO 42)	ARGGRTTWIGAFDI (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFGNYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLGLTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 16)	VK3-15	RASQSVSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRAT (SEQ ID NO 69)	QQYVVWPPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATISVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB14-IgG4	VH1-46	YTFPAYYMH (SEQ ID NO 59)	IINPSLGLTSYAQKFQG (SEQ ID NO 42)	ARGGRTTWIGAFDI (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPAYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLGLTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 17)	VK3-15	RASQSVSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRAT (SEQ ID NO 69)	QQYVVWPPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB15-IgG4	VH1-46	YTFREYYMH (SEQ ID NO 60)	IINPSIGLTSYARKFQG (SEQ ID NO 43)	ARGGRTTWIGAFDI (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFREYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSIGLTSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 18)	VK3-15	RASQSVSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRAT (SEQ ID NO 69)	QQYVVWPPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)

[13] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[14] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[15] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[16] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[17] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[18] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24BP

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

		Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs								
Ab	VH GL	CDR-H1[19] (SEQ ID NOS 2414-2419)	CDR-H2[20] (SEQ ID NOS 2420-2425)	CDR-H3[21] (SEQ ID NOS 2426-2431)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2432-2437)	VL GL	CDR-L1[22] (SEQ ID NOS 2438-2443)	CDR-L2[23] (SEQ ID NOS 2444-2449)	CDR-L3[24] (SEQ ID NOS 2450-2455)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2456-2461)
MAB1 6-IgG4	VH 1-46	YTFRE YYMH (SEQ ID NO 60)	IINPSIG LTSYAR KFQG (SEQ ID NO 43)	ARGGRT TWIGAL DI (SEQ ID NO 34)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FREYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSIG LTSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSS LRSEDTAVYYCARGGRTTWIGALDIWGQ GTMVTVSS (SEQ ID NO 19)	VK 1-5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYVVW PPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSED FAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB1 7-IgG4	VH 1-46	YTFPA YYIH (SEQ ID NO 61)	IINPSLG LTSYAR KFQG (SEQ ID NO 44)	ARGGRT TWIGAL DI (SEQ ID NO 34)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FPAYYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLGL TSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSS LRSEDTAVYYCARGGRTTWIGALDIWGQ GTMVTVSS (SEQ ID NO 20)	VK 1-5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYVVW PPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSED FAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB1 8-IgG4	VH 1-46	YTFPA YYMH (SEQ ID NO 59)	IINPSLGL TSYARKF QG (SEQ ID NO 44)	ARGGRT TWIGAFD I (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FPAYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLG LTSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELS SLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWG QGTMVTVSS (SEQ ID NO 21)	VK 1-5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYVVW PPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSED FAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB1 9-IgG4	VH 1-46	YTFTS HYMG (SEQ ID NO 62)	VINPSM GATSYA QKFQG (SEQ ID NO 45)	ARLHVS GSYYPA YLDY (SEQ ID NO 35)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FTSHYMGWVRQAPGQGLEWMGVINPSM GATSYAQKFQGRVTMTRDTSTLSTVYME LSSLRSEDTAVYYCARLHVSGSYYPAYLD YWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 22)	VK 1-5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYIVFP WT (SEQ ID NO 66)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRHLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYIVFPWTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 28)
MAB2 0-IgG4	VH 1-46	YTFTSH YMG (SEQ ID NO 62)	IINPSM GATSYA QKFQG (SEQ ID NO 46)	ARLHVS GSYYPA YLDY (SEQ ID NO 35)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TSHYMGWVRQAPGQGLEWVGIINPSMGA TSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSL ASEDTAVYYCARLHVSGSYYPAYLDYWG QGTMVTVSS (SEQ ID NO 23)	VK 1-5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYIVFP WT (SEQ ID NO 66)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRHLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYIVFPWTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 28)
MAB2 1-IgG4	VH 1-46	YTFTSH YMG (SEQ ID NO 62)	IINPSM GATSYT QKFRG (SEQ ID NO 47)	ARLHVS GSYYPA YLDY (SEQ ID NO 35)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TSHYMGWVRQAPGQGLEWMGIINPSMGA TSYTQKFRGRVTMTRDTSTSTVYMELSSL ASEDTAVYYCARLHVSGSYYPAYLDYWG QGTMVTVSS (SEQ ID NO 24)	VK 1-5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYIVFP WT (SEQ ID NO 66)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRHLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYIVFPWTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 28)

[19] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[20] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[21] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[22] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[23] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[24] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24BQ

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:7 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSQSLSLTCSVTGSSIASDYWGWIRKFPGNKMEWMGFITYSGST SYNPSLKSRISITRDTSKNQFFLQLHSVTTDDTATYSCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGPGTMVTVSS	2462
vhCDR1 (SEQ ID NO:1 de WO2016028656)	SDYWG	2463
vhCDR2 (SEQ ID NO:2 de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2464
vhCDR3 (SEQ ID NO:3 de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2465
Cadena ligera (SEQ ID NO:8 de WO2016028656)	DIQMTQSPSLLSASVGDRVTLNCKASQSIHKNLAWYQQKLGEAPKFLIYYANSLQTGIP SRFSGSGSGTDFTLTISGLQPEDVATYFCQQYYSGWTFGGGTKVELK	2466
vlCDR1 (SEQ ID NO:4 de WO2016028656)	KASQSIHKNLA	2467
vlCDR2 (SEQ ID NO:5 de WO2016028656)	YANSLQT	2468
vlCDR3 (SEQ ID NO:6 de WO2016028656)	QQYYSGWT	2469

Figura 24BR

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:9 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSS	2470
vhCDR1 (WO2016028656)	DYWG	2471
vhCDR2 (WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2472
vhCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2473

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:10 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2474
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2475
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2476
vhCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2477

Figura 24BS

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:11 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSS	2478
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2479
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2480
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2481

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:12 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFITYSGST SYNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2482
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2483
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2484
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2485

Figura 24BT

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:13 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2486
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2487
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2488
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2489

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:14 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSS	2490
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2491
vhCDR2 de WO2016028656)	GFITYSGSTSYNPSLKS	2492
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2493

Figura 24BU

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:15 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSS	2494
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2495
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2496
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2497

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:16 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFITYSGST SYNPSLKSRITISVDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2498
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2499
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2500
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2501

Figura 24BV

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:17 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSS	2502
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2503
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2504
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2505

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:18 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFI TYSGSTSYNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFI TLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2506
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2507
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2508
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2509

Figura 24BW

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:19 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFI TYSGSTSYNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFI TLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2510
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2511
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2512
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2513

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:20 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFI TYSGSTSYNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFI TLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2514
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2515
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2516
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2517

Figura 24BX

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:21 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2518
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2519
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2520
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2521

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:22 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSS	2522
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2523
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2524
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2525

Figura 24BY

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:37 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFW GQGTMVTVSSAS	2526
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2527
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2528
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2529

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:38 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2530
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2531
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2532
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2533

Figura 24BZ

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:39 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRKPPGKGLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2534
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2535
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2536
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2537

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:40 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKKLEWIGFITYSGSTS YNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDF WGQGTMVTVSS	2538
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2539
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2540
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2541

Figura 24CA: CHA.9.541.3

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2542
vhCDR1	GYTITNYGMN	2543
vhCDR2	WINTYTGEPT	2544
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2545
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.3.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	2546
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2547
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2548
vlCDR2	DTSKLAS	2549
vlCDR3	FQGSGYPLT	2550
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.3.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2551

Figura 24CB: CHA.9.541.4

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2552
vhCDR1	GYTITNYGMN	2553
vhCDR2	WINTYTGEPT	2554
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2555
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.4.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	2556
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2557
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2558
vlCDR2	DTSKLAS	2559
vlCDR3	FQGSGYPLT	2560
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.4.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2561

Figura 24CC CHA.9.541.5

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2562
vhCDR1	GYTITNYGMN	2563
vhCDR2	WINTYTGEPT	2564
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2565
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.5.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFT MTLDTSTS TVYMELSSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLV KDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESK YGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPRE EQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSL TCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHY TQKSLSLSPGK	2566
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2567
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2568
vlCDR2	DTSKLAS	2569
vlCDR3	FQGSGYPLT	2570
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.5.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2571

Figura 24CD: CHA.9.541.6

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2572
vhCDR1	GYTITNYGMN	2573
vhCDR2	WINTYTGEPT	2574
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2575
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.6.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2576
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2577
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2578
vlCDR2	DTSKLAS	2579
vlCDR3	FQGSGYPLT	2580
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.6.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLLIYDTSKLASGIPARFSGSGSGTDYTLT ISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2581

Figura 24CE: CHA.9.541.7

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2582
vhCDR1	GYTITNYGMN	2583
vhCDR2	WINTYTGEPT	2584
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2585
HC de longitud completa (IgG4(S241P) **CHA.9.541.7.H4(S241P)**)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2586
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2587
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2588
vlCDR2	DTSKLAS	2589
vlCDR3	FQGSGYPLT	2590
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.7.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYTL TISSL EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2591

Figura 24CF: CHA.9.541.8

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSS	2592
vhCDR1	GYTITNYGMN	2593
vhCDR2	WINTYTGEPT	2594
vhCDR3	GNGNPLGMDY	2595
HC de longitud completa (IgG4(S241P); **CHA.9.541.8.H4(S241P))**	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYTITNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGEPTYAQKFQGRFTIT LDTSTS TVYLEISSLRSEDTAVYYCARGNGNPLGMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2596
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIK	2597
vlCDR1	GNGNPLGMDY	2598
vlCDR2	DTSKLAS	2599
vlCDR3	FQGSGYPLT	2600
Cadena ligera de longitud completa (**CHA.9.541.8.H4 (S241P)**)	EIVLTQSPATLSLSPGERVTMSCGNGNPLGMDYWYQQKPGQAPRLWIYDTSKLASGVPARFSGSGSGTDYT LTISSM EPEDFAVYYCFQGSGYPLTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVD NALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2601

Figura 24CG: CHA.9.547.10

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	2602
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2603
vhCDR2	TISGGGTNTY	2604
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2605
HC de longitud completa for **CHA.9.547.10.H4 (S241P)**)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2606
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	2607
vlCDR1	RASQNINVWLS	2608
vlCDR2	KASKSHT	2609
vlCDR3	QQGQSYPYT	2610
Cadena ligera de longitud completa Para **CHA.9.547.10.H4 (S241P)**	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2611

Figura 24CH: CHA.9.547.11

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	2612
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2613
vhCDR2	TISGGGTNTY	2614
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2615
HC de longitud completa for **CHA.9.547.11.H4 (S241P)**)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVSTISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2616
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	2617
vlCDR1	RASQNINVWLS	2618
vlCDR2	KASKSHT	2619
vlCDR3	QQGQSYPYT	2620
Cadena ligera de longitud completa Para **CHA.9.547.11.H4 (S241P)**)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2621

Figura 24CI: CHA.9.547.12

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	2622
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2623
vhCDR2	TISGGGTNTY	2624
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2625
HC de longitud completa Para **CHA.9.547.12.H4 (S241P)**)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2626
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	2627
vlCDR1	RASQNINVWLS	2628
vlCDR2	KASKSHT	2629
vlCDR3	QQGQSYPYT	2630
Cadena ligera de longitud completa for **CHA.9.547.12.H4 (S241P)**)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2631

Figura 24CJ: CHA.9.547.13

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	2632
vhCDR1	GFTFSSYIMS	2633
vhCDR2	TISGGGTNTY	2634
vhCDR3	WLLSYYAMDY	2635
HC de longitud completa for CHA.9.547.13.H4 (S241P)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGGTNTYYADSVKGRFTISR DNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVK DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKY GPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREE QFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK	2636
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	2637
vlCDR1	RASQNINVWLS	2638
vlCDR2	KASKSHT	2639
vlCDR3	QQGQSYPYT	2640
Cadena ligera de longitud completa para CHA.9.547.13.H4 (S241P)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQNINVWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISS LQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	2641

Figura 24CK: CHA.9.543

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGASMKISCKASGYSFTGYTMNWVRQSHGKNLEWLGLIFPYNGGTSYNQNFKGKATLT VDTSSSTAYMELLSLTSVDSAVYYCARGVRFALDYWGQGTSVSVSS	2642
vhCDR1	GYSFTGYTMN	2643
vhCDR2	LIFPYNGGTS	2644
vhCDR3	GVRFALDY	2645
HC de longitud completa for **CHA.9.543.H4(S 241P)**)	Hibridoma de ratón, secuencia no disponible	
Dominio variable ligero (vl)	DVVMTQTPLSLPVSFGDQVSISCRSSQSLANSYGNTYLSWYLHKPGQSPQLLIYEISNRFSGVPDRFSGSGSG TDFTLNISTIKPEDLGMYYCLQGTHQPWTFGGGTKLEIK	2646
vlCDR1	RSSQSLANSYGNTYLS	2647
vlCDR2	EISNRFS	2648
vlCDR3	LQGTHQPWT	2649
Cadena ligera de longitud completa for **CHA.9.543.H4(S 241P)**)	Hibridoma de ratón, secuencia no disponible	

Figura 24CL: BM26 ratón IgG1 (BM26-M1) (WO2016/028656A1, Clon 31C6)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNEKFKGKATLT SDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSS	2650
vhCDR1	GYTFSSYV	2651
vhCDR2	IDPYNDGA	2652
vhCDR3	ARGGPYGWYFDV	2653
HC de longitud completa	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNEKFKGKATLT SDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSSAKTTPPSVYPLAPGSAAQTNSMV TLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGSLSSGVHTFPAVLQSDLYTLSSSVTVPSSTWPSETVTCNVAHPASSTKVDK KIVPRDCGCKPCICTVPEVSSVFIFPPKPKDVLTITLTPKVTCVVVDISKDDPEVQFSWFVDDVEVHTAQTQPR EEQFNSTFRSVSELPIMHQDWLNGKEFKCRVNSAAFPAPIEKTISKTKGRPKAPQVYTIPPPKEQMAKDKVSL TCMITDFFPEDITVEWQWNGQPAENYKNTQPIMDTDGSYFVYSKLNVQKSNWEAGNTFTCSVLHEGLHNHH TEKSLSHSPGK	2654
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQFSL KINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELK	2655
vlCDR1	EHIYSY	2656
vlCDR2	NAK	2657
vlCDR3	QHHFGSPLT	2658
Cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQFSL KINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELKRADAAPTVSIFPPSSEQLTSGGASVVCFLNNFYPKDINVK WKIDGSERQNGVLNSWTDQDSKDSTYSMSSTLTLTKDEYERHNSYTCEATHKTSTSPIVKSFNRNEC	2659

Figura 24CM: BM29 ratón IgG1 (BM29-M1) (US2016/0176963A1, Clon 22G2)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVHLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGIYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDVWGQGTTVTVSS	2660
vhCDR1	GGSVSSGIYY	2661
vhCDR2	IYYSGST	2662
vhCDR3	ARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDV	2663
HC de longitud completa	QVHLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGIYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTNYNPSLKSRVTISV DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDYYVSGNYYNVDYYFFGVDVWGQGTTVTVSSAKTTPPSVYPLAPG SAAQTNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGSLSSGVHTFPAVLQSDLYTLSSSVTVPSSTWPSETVTCNVAH PASSTKVDKKIVPRDCGCKPCICTVPEVSSVFIFPPKPKDVLTITLTPKVTCVVVDISKDDPEVQFSWFVDDVEV HTAQTQPREEQFNSTFRSVSELPIMHQDWLNGKEFKCRVNSAAFPAPIEKTISKTKGRPKAPQVYTIPPPKEQ MAKDKVSLTCMITDFFPEDITVEWQWNGQPAENYKNTQPIMDTDGSYFVYSKLNVQKSNWEAGNTFTCSVL HEGLHNHHTEKSLSHSPGK	2664
Dominio variable ligero (vl)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTL TISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPLFTFGPGTKVDIK	2665
vlCDR1	QSVSSY	2666
vlCDR2	DAS	2667
vlCDR3	QQRSNWPPLFT	2668
Cadena ligera de longitud completa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTL TISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPLFTFGPGTKVDIKRADAAPTVSIFPPSSEQLTSGGASVVCFLNNFYPKDIN VKWKIDGSERQNGVLNSWTDQDSKDSTYSMSSTLTLTKDEYERHNSYTCEATHKTSTSPIVKSFNRNEC	2669

Figura 24CN

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:10 de US2017281764)	DVQLVESGGGLVQPGGSRKLSCAASGFTFSNFGMHWVRQAPEKGLEWVAFISSGSS SIYYADTVKGRFTISRDNPKNTLFLQMTSLRSEDTAMYYCARMRLDYYAMDYWGQ GTSVTVSS	2670
vhCDR1 (SEQ ID NO:11 de US2017281764)	NFGMH	2671
vhCDR2 (SEQ ID NO:12 de US2017281764)	FISSGSSSIYYADTVKG	2672
vhCDR3 (SEQ ID NO:13 de US2017281764)	MRLDYYAMDY	2673
Cadena ligera (SEQ ID NO:14 de US2017281764)	DVQITQSPSYLAASPGETITINCRASKSISKYLAWYQEKPGKTNKLLIYSGSTLQSGIPS RFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAMYYCQQHNEYPWTFGGGTKLEIK	2674
vlCDR1 (SEQ ID NO:15 de US2017281764)	RASKSISKYLA	2675
vlCDR2 (SEQ ID NO:16 de US2017281764)	SGSTLQS	2676
vlCDR3 (SEQ ID NO:17 de US2017281764)	QQHNEYPWT	2677

Figura 24CO

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:18 de US2017281764)	EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKTSGYTFTEYTMHWVKQSHGKNLEWIGGINPNNG GTSYNQKFKGRATLTVDKSSSTAYMELRSLTSDDSAVYYCARPGWYNYAMDYWG QGTSVTVSS	2678
vhCDR1 (SEQ ID NO:19 de US2017281764)	EYTMH	2679
vhCDR2 (SEQ ID NO:20 de US2017281764)	GINPNNGGTSYNQKFKG	2680
vhCDR3 (SEQ ID NO:21 de US2017281764)	PGWYNYAMDY	2681
Cadena ligera (SEQ ID NO:22 de US2017281764)	DIVMTQSHKFMSTSVGDRVNITCKASQGVSTAVAWYQQKPGQSPKLLIYSASYRYT GVPDRFTGSGSGTDFTFTISSVQAEDLAVYHCQQHYITPWTFGGGTKLEIK	2682
vlCDR1 (SEQ ID NO:23 de US2017281764)	KASQGVSTAVA	2683
vlCDR2 (SEQ ID NO:24 de US2017281764)	SASYRYT	2684
vlCDR3 (SEQ ID NO:25 de US2017281764)	QQHYITPWT	2685

Figura 24CP

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:26 de US2017281764)	EVQLVESGGGLVKPGGSLKLSCAASGFAFSDYDMSWVRQTPEKRLEWVAYISDGGY NTYYPDTVKGRFTISRDNAKNTLYLQMSSLKSEDTAIYYCARQILLRYYFDYWGQGT TLTVSS	2686
vhCDR1 (SEQ ID NO:27 de US2017281764)	DYDMS	2687
vhCDR2 (SEQ ID NO:28 de US2017281764)	YISDGGYNTYYPDTVKG	2688
vhCDR3 (SEQ ID NO:29 de US2017281764)	QILLRYYFDY	2689
Cadena ligera (SEQ ID NO:30 de US2017281764)	DIVMSQSPSSLAVSVGEKVTMTCKSSQSLLYSSNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYW ASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVKAEDLAVYYCQQYHSYPWTFGGGTKLEIK	2690
vlCDR1 (SEQ ID NO:31 de US2017281764)	KSSQSLLYSSNQKNYLA	2691
vlCDR2 (SEQ ID NO:32 de US2017281764)	WASTRES	2692
vlCDR3 (SEQ ID NO:33 de US2017281764)	QQYHSYPWT	2693

Figura 24CQ

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:35 de US2017281764)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFGMHWVRQAPGKGLEWVAFISSGSSS IYYADTVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARMRLDYYAMDYWGQ GTMVTVSS	2694
Cadena ligera (SEQ ID NO:37 de US2017281764)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASKSISKYLAWYQQKPGKAPKLLIYSGSTLQSGV PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQHNEYPWTFGGGTKVEIK	2695

De US20170281764 (JN Biosciences)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:34 de US2017281764)	MDSRLNLVFLVLILKGVQCEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFGMHWV RQAPGKGLEWVAFISSGSSSIYYADTVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVY YCARMRLDYYAMDYWGQGTMVTVSS	2696
Cadena ligera (SEQ ID NO:36 de US2017281764)	MRFQVQVLGLLLLWISGAQCDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASKSISKYLAWYQ QKPGKAPKLLIYSGSTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQHNEYP WTFGGGTKVEIK	2697

Figura 24CR

De WO2015009856 (GENENTECH, INC. y F. HOFFMANN-LA ROCHE AG; véase además, WO2016011264)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:15 de WO2015009856)	EVQLVESGGGLTQPGKSLKLSCEASGFTFSSFTMHWVRQSPGKGLEWVAFIRSGSGIVFYADAVRGRF TISRDNAKNLLFLQMNDLKSEDTAMYYCARRPLGHNTFDSWGQGTLVTVSS	2698
vhCDR1 (SEQ ID NO:4 de WO2015009856)	GFTFSSFTMH	2699
vhCDR2 (SEQ ID NO:5 de WO2015009856)	FIRSGSGIVFYADAVRG	2700
vhCDR3 (SEQ ID NO:6 de WO2015009856)	RPLGHNTFDS	2701
Cadena ligera (SEQ ID NO:13 de WO2015009856)	DIVMTQSPSSLAVSPGEKVTMTCKSSQSLYYSGVKENLLAWYQQKPGQSPKLLIYYASIRFTGVPDRFTG SGSGTDYTLTITSVQAEDMGQYFCQQGINNPLTFGDGTKLEIKR	2702
vlCDR1 (SEQ ID NO:1 de WO2015009856)	KSSQSLYYSGVKENLLA	2703
vlCDR2 (SEQ ID NO:2 de WO2015009856)	ASIRFT	2704
vlCDR3 (SEQ ID NO:3 de WO2015009856)	QQGINNPLT	2705

Figura 24CS

De WO2015009856 (GENENTECH, INC. y F. HOFFMANN-LA ROCHE AG; véase además, WO2016011264)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:16 de WO2015009856)	EVQLQQSGPELVKPGTSMKISCKASGYSFTGHLMNWVKQSHGKNLEWIGLIIPYNGGTSYNQKFKGKAT LTVDKSSSTAYMELLSLTSDDSAVYFCSRGLRGFYAMDYWGQGTSVTVSS	2706
vhCDR1 (SEQ ID NO:10 de WO2015009856)	GYSFTGHLMN	2707
vhCDR2 (SEQ ID NO:11 de WO2015009856)	LIIPYNGGTSYNQKFKG	2708
vhCDR3 (SEQ ID NO:12 de WO2015009856)	GLRGFYAMDY	2709
Cadena ligera (SEQ ID NO:14 de WO2015009856)	DVVLTQTPLSLSVSFGDQVSISCRSSQSLVNSYGNTFLSWYLHKPGQSPQLLIFGISNRFSGVPDRFSGS GSGTDFTLKISTIKPEDLGMYYCLQGTHQPPTFGPGTKLEVK	2710
vlCDR1 (SEQ ID NO:7 de WO2015009856)	RSSQSLVNSYGNTFLS	2711
vlCDR2 (SEQ ID NO:8 de WO2015009856)	GISNRFS	2712
vlCDR3 (SEQ ID NO:9 de WO2015009856)	LQGTHQPPT	2713

Figura 24CT

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs

Ab	VH GL	CDR-H1[25] (SEQ ID NOS 2714-2718)	CDR-H2[26] (SEQ ID NOS 2719-2723)	CDR-H3[27] (SEQ ID NOS 2724-2728)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2729-2733)	VL GL	CDR-L1[28] (SEQ ID NOS 2734-2738)	CDR-L2[29] (SEQ ID NOS 2739-2743)	CDR-L3[30] (SEQ ID NOS 2744-2748)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2749-2753)
MAB1-IgG4	VH 4-39	GSITSSSYYWG (SEQ ID NO 48)	SIYYSGATFYNPSLKS (SEQ ID NO 36)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSITSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGATFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 4)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MAB2-IgG4	VH 4-39	GSISSSKYYWG (SEQ ID NO 49)	SIYYSGSTFYNPSLKS (SEQ ID NO 37)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSKYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 5)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MAB3-IgG4	VH 4-39	GSISSTSHYWG (SEQ ID NO 50)	SIYYSGSTFYNPSLKS (SEQ ID NO 37)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSTSHYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 6)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQID O:67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MAB4-IgG4	VH 4-39	GSISSTSHYWG (SEQ ID NO 50)	SIYYSGSTFYNPSLKS (SEQ ID NO 37)	ARDANYYGGAWAFDP (SEQ ID NO 30)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSTSHYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGGAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 7)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)
MARS-IgG4	VH 4-39	GSISSTSHYWG (SEQ ID NO 50)	SIYYSGSTFYNPSLKG (SEQ ID NO 38)	ARDANYYGSAWAFDP (SEQ ID NO 29)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSTSHYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTFYNPSLKGRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDANYYGSAWAFDPWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO 8)	VK3-11	RASQSVSSYLA (SEQ ID NO 70)	DASNRAT (SEQ ID NO 67)	QQHFNLPT (SEQ ID NO 63)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQHFNLPTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 25)

[25] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[26] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[27] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[28] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[29] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[30] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24CU

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

		Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs								
Ab	VH GL	CDR-H1[31] (SEQ ID NOS 2754-2758)	CDR-H2[32] (SEQ ID NOS 2759-2763)	CDR-H3[33] (SEQ ID NOS 2764-2768)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2769-2773)	VL GL	CDR-L1[34] (SEQ ID NOS 2774-2778)	CDR-L2[35] (SEQ ID NOS 2779-2783)	CDR-L3[36] (SEQ ID NOS 2784-2788)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2789-2793)
MAB6-IgG4	VH 4-39	GSIESGSYYWG (SEQ ID NO 51)	SIYYSGGTYYNPSLKS (SEQ ID NO 39)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSIESGSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGGTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 9)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB7-IgG4	VH 4-31	GSIESGVYYWG (SEQ ID NO 52)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGVYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 10)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB8-IgG4	VH 4-39	GSIASGSYYWG (SEQ ID NO 53)	SIYYSGQTYYNPSLKS (SEQ ID NO 41)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSIASGSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGQTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 11)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB9-IgG4	VH 4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLTLNKRSFDI (SEQ ID NO 31)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLTLNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 12)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB10-IgG4	VH 4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLALNKRSFDI (SEQ ID NO 32)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRATISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLALNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 13)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)

[31] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[32] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[33] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[34] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[35] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[36] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24CV

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs

Ab	VH GL	CDR-H1[37] (SEQ ID NOS 2794-2798)	CDR-H2[38] (SEQ ID NOS 2799-2803)	CDR-H3[39] (SEQ ID NOS 2804-2808)	Proteína VH (SEQ ID NOS 2809-2813)	VL GL	CDR-L1[40] (SEQ ID NOS 2814-2818)	CDR-L2[41] (SEQ ID NOS 2819-2823)	CDR-L3[42] (SEQ ID NOS 2824-2828)	Proteína VL (SEQ ID NOS 2829-2833)
MAB11-IgG4	VH4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLALNKRSFDI (SEQ ID NO 32)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLALNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 14)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB12-IgG4	VH4-31	GSIESGLYYWG (SEQ ID NO 54)	SIYYSGSTYYNPSLKS (SEQ ID NO 40)	ARDGVLALNKRSFDI (SEQ ID NO 32)	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTASGGSIESGLYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGVLALNKRSFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 15)	VK3-20	RASQSVSSSYLA (SEQ ID NO 71)	GASSRAT (SEQ ID NO 68)	QQHTVRPPLT (SEQ ID NO 64)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQHTVRPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 26)
MAB13-IgG4	VH1-46	YTFGNYYMH (SEQ ID NO 58)	IINPSLGLTSYAQKFQG (SEQ ID NO 42)	ARGGRTTWIGAFDI (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFGNYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLGLTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 16)	VK3-15	RASQSVSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRAT (SEQ ID NO 69)	QQYVVWPPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATISVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB14-IgG4	VH1-46	YTFPAYYMH (SEQ ID NO 59)	IINPSLGLTSYAQKFQG (SEQ ID NO 42)	ARGGRTTWIGAFDI (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPAYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLGLTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 17)	VK3-15	RASQSVSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRAT (SEQ ID NO 69)	QQYVVWPPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB15-IgG4	VH1-46	YTFREYYMH (SEQ ID NO 60)	IINPSIGLTSYARKFQG (SEQ ID NO 43)	ARGGRTTWIGAFDI (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFREYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSIGLTSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 18)	VK3-15	RASQSVSSNLA (SEQ ID NO 72)	GASTRAT (SEQ ID NO 69)	QQYVVWPPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)

[37] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[38] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[39] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[40] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[41] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[42] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24CW

De US 9713641 (Tabla 5, reproducida en la presente; SEQ ID NO: son de US 9713641)

Secuencias y líneas germinales (GL) of TIGIT ABPs

Ab		CDR-H1[43] (SEQ ID NOS	CDR-H2[44] (SEQ ID NOS	CDR-H3[45] (SEQ ID NOS	Proteína VH (SEQ ID NOS 2852-2857)		CDR-L1[46] (SEQ ID NOS	CDR-L2[47] (SEQ ID NOS	CDR-L3[48] (SEQ ID NOS	Proteína VL (SEQ ID NOS 2876-2881)
	VH	2834-	2840-	2846-		V	2858-	2864-	2870-	
	GL	2839)	2845)	2851)		L	2863)	2869)	2875)	
MAB1 6-IgG4	VH 1-46	YTFRE YYMH (SEQ ID NO 60)	IINPSIG LTSYAR KFQG (SEQ ID NO 43)	ARGGRT TWIGAL DI (SEQ ID NO 34)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FREYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSIG LTSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSS LRSEDTAVYYCARGGRTTWIGALDIWGQ GTMVTVSS (SEQ ID NO 19)	V K 3-1 5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYVVW PPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSED FAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB1 7-IgG4	VH 1-46	YTFPA YYIH (SEQ ID NO 61)	IINPSLG LTSYAR KFQG (SEQ ID NO 44)	ARGGRT TWIGAL DI (SEQ ID NO 34)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FPAYYIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLGL TSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSS LRSEDTAVYYCARGGRTTWIGALDIWGQ GTMVTVSS (SEQ ID NO 20)	V K 3-1 5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYVVW PPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSED FAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB1 8-IgG4	VH 1-46	YTFPA YYMH (SEQ ID NO 59)	IINPSLGL TSYARKF QG (SEQ ID NO 44)	ARGGRT TWIGAFD I (SEQ ID NO 33)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FPAYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSLG LTSYARKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELS SLRSEDTAVYYCARGGRTTWIGAFDIWG QGTMVTVSS (SEQ ID NO 21)	V K 3-1 5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYVVW PPLT (SEQ ID NO 65)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSED FAVYYCQQYVVWPPLTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 27)
MAB1 9-IgG4	VH 1-46	YTFTS HYMG (SEQ ID NO 62)	VINPSM GATSYA QKFQG (SEQ ID NO 45)	ARLHVS GSYYPA YLDY (SEQ ID NO 35)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FTSHYMGWVRQAPGQGLEWMGVINPSM GATSYAQKFQGRVTMTRDTSTLSTVYME LSSLRSEDTAVYYCARLHVSGSYYPAYLD YWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO 22)	V K 3-1 5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYIVFP WT (SEQ ID NO 66)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRHLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYIVFPWTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 28)
MAB2 0-IgG4	VH 1-46	YTFTSH YMG (SEQ ID NO 62)	IINPSM GATSYA QKFQG (SEQ ID NO 46)	ARLHVS GSYYPA YLDY (SEQ ID NO 35)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TSHYMGWVRQAPGQGLEWVGIINPSMGA TSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSL ASEDTAVYYCARLHVSGSYYPAYLDYWG QGTMVTVSS (SEQ ID NO 23)	V K 3-1 5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYIVFP WT (SEQ ID NO 66)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRHLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYIVFPWTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 28)
MAB2 1-IgG4	VH 1-46	YTFTSH YMG (SEQ ID NO 62)	IINPSM GATSYT QKFRG (SEQ ID NO 47)	ARLHVS GSYYPA YLDY (SEQ ID NO 35)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TSHYMGWVRQAPGQGLEWMGIINPSMGA TSYTQKFRGRVTMTRDTSTSTVYMELSSL ASEDTAVYYCARLHVSGSYYPAYLDYWG QGTMVTVSS (SEQ ID NO 24)	V K 3-1 5	RASQS VSSNLA (SEQ ID NO72)	GASTRA T (SEQ ID NO 69)	QQYIVFP WT (SEQ ID NO 66)	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAWYQQKP GQAPRHLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSE DFAVYYCQQYIVFPWTFGGGTKVEIK (SEQ ID NO 28)

[43] Incluye las CDR-H1 como se define por los sistemas de numeración de Chothia y Kabat, que incluye las fronteras de ambos sistemas.
[44] De acuerdo con el sistema de numeración de Kabat.
[45] De acuerdo con el sistema de numeración de IMGT.
[46] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[47] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat y Chothia.
[48] De acuerdo con los sistemas de numeración de Kabat, Chothia, e IMGT.

Figura 24CX

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:7 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSQSLSLTCSVTGSSIASDYWGWIRKFPGNKMEWMGFITYSGSTSYNPSLKSRISIT RDTSKNQFFLQLHSVTTDDTATYSCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGPGTMVTVSS	2882
vhCDR1 (SEQ ID NO:1 de WO2016028656)	SDYWG	2883
vhCDR2 (SEQ ID NO:2 de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2884
vhCDR3 (SEQ ID NO:3 de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2885
Cadena ligera (SEQ ID NO:8 de WO2016028656)	DIQMTQSPSLLSASVGDRVTLNCKASQSIHKNLAWYQQKLGEAPKFLIYYANSLQTGIPSRFSGSGSGTD FTLTISGLQPEDVATYFCQQYYSGWTFGGGTKVELK	2886
vlCDR1 (SEQ ID NO:4 de WO2016028656)	KASQSIHKNLA	2887
vlCDR2 (SEQ ID NO:5 de WO2016028656)	YANSLQT	2888
vlCDR3 (SEQ ID NO:6 de WO2016028656)	QQYYSGWT	2889

Figura 24CY

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:9 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2890
vhCDR1 (WO2016028656)	DYWG	2891
vhCDR2 (WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2892
vhCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2893

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:10 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2894
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2895
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2896
vhCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2897

Figura 24CZ

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:11 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRITISR DTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2898
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2899
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2900
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2901

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:12 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFITYSGSTSYNPSLKSRITIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2902
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2903
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2904
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2905

Figura 24DA

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:13 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2906
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2907
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2908
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2909

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:14 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRITISR DTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2910
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2911
vhCDR2 de WO2016028656)	GFITYSGSTSYNPSLKS	2912
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2913

Figura 24DB

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:15 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRITISR DTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2914
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2915
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2916
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2917

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:16 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFITYSGSTSYNPSLKSRITIS VDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2918
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2919
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2920
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2921

Figura 24DC

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:17 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2922
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2923
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2924
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2925

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:18 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFI TYSGSTSYNPSLKSRVTISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFI TLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2926
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2927
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2928
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2929

Figura 24DD

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:19 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFI TYSGSTSYNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFI TLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2930
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2931
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2932
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2933

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:20 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFI TYSGSTSYNPSLKSRITISRDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFI TLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2934
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2935
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2936
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2937

Figura 24DE

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:21 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2938
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2939
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2940
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2941

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:22 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGYSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRITISR DTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2942
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2943
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2944
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2945

Figura 24DF

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:37 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSSAS	2946
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2947
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2948
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2949

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:38 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2950
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2951
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2952
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2953

Figura 24DG

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:39 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRKPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2954
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2955
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2956
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2957

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:40 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKKLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2958
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2959
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2960
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2961

Figura 24DH

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:41 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQPPGKGMEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2962
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2963
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2964
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2965

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:42 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRKPPGKKMEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2966
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2967
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2968
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2969

Figura 24DI

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:43 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRQFPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTADDTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2970
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2971
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2972
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2973

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:44 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGSSIASDYWGWIRKPPGKKMEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2974
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2975
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2976
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2977

Figura 24DJ

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:45 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCSVTGSSIASDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS RDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2978
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2979
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2980
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2981

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:46 de WO2016028656)	EVQLQQSGAGLLKPSETLSLTCSVTGSSIASDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2982
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2983
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2984
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2985

Figura 24DK

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:47 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPPGTLSLTCSVTGSSIASDYWGWVRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRVTIS VDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2986
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2987
vhCDR2 (de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2988
vhCDR3 (de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2989

Figura 24DL

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:23 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWIGFITYSGSTSYNPSLKSRITISR DTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2990
vhCDR1 (SEQ ID NO: de WO2016028656)	SDYWG	2991
vhCDR2 (SEQ ID NO: de WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2992
vhCDR3 (SEQ ID NO: de WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2993

Figura 24DM

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:24 de WO2016028656)	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGSSISSDYWGWIRQPPGKGLEWMGFITYSGSTSYNPSLKSRITIS RDTSKNQFSLKLHSVTAADTAVYYCARMPSFITLASLSTWEGYFDFWGQGTMVTVSS	2994
vhCDR1 (de WO2016028656)	SDYWG	2995
vhCDR2 (WO2016028656)	FITYSGSTSYNPSLKS	2996
vhCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTWEGYFDF	2997

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:25 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKLLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	2998
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	2999
vlCDR2 (de WO2016028656)	YANSLQT	3000
vlCDR3 (de WO2016028656)	QQYYSGWT	3001

Figura 24DN

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:26 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKFLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3002
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3003
vlCDR2 (de WO2016028656)	YANSLQT	3004
vlCDR3 (de WO2016028656)	QQYYSGWT	3005

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:27 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKFLIYYANSLQTGIPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3006
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3007
vlCDR2 (de WO2016028656)	YANSLQT	3008
vlCDR3 (de WO2016028656)	QQYYSGWT	3009

Figura 24DO

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:28 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKVPKLLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDVATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3010
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3011
vlCDR2 (de WO2016028656)	YANSLQT	3012
vlCDR3 (de WO2016028656)	QQYYSGWT	3013

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:29 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKVPKFLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDVATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3014
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3015
vlCDR2 (de WO2016028656)	YANSLQT	3016
vlCDR3 (de WO2016028656)	QQYYSGWT	3017

Figura 24DP

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencias	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:30 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKVPKFLIYYANSLQTGIPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDVATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3018
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3019
vlCDR2 (de WO2016028656)	YANSLQT	3020
vlCDR3 (de WO2016028656)	QQYYSGWT	3021

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:48 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKLLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3022
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3023
vlCDR2 (WO2016028656)	YANSLQT	3024
vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGWT	3025

Figura 24DQ

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:49 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKFLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3026
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3027
vlCDR2 (WO2016028656)	YANSLQT	3028
vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGWT	3029

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:50 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKLLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYFCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3030
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3031
vlCDR2 (WO2016028656)	YANSLQT	3032
vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGWT	3033

Figura 24DR

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:51 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKFLIYYANSLQTGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYFCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3034
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3035
vlCDR2 (WO2016028656)	YANSLQT	3036
vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGWT	3037

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:52 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSIHKNLAWYQQKPGKAPKLLIYYANSLQTGIPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSGWTFGGGTKVEIK	3038
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQSIHKNLAW	3039
vlCDR2 (WO2016028656)	YANSLQT	3040
vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGWT	3041

Figura 24DS

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:63 de WO2016028656)	DVQLQESGPGLVKPSQSLSLTCTVTGYSITSDYAWNWIRQFPGNKLEWMGYISNSGSASYNPSLKSRISI TRDTSKNQFFLQLNSVTTEDTATYYCATLIYYDYGGAMNFWGQGTSVTVSS	3042
vhCDR1 (de WO2016028656)	GYSITSDYAWN	3043
vhCDR2 (WO2016028656)	YISNSGSASYNPSLKS	3044
vhCDR3 (WO2016028656)	LIYYDYGGAMNF	3045

Figura 24DT

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:62 de WO2016028656)	DIVMTQSHKFMSTSVGDRVSITCKASQGVSTTVAWYQQKPGQSPKLLIYSASYRYTGVPDRFTGSGSGT DFTFTISSVQSEDLAVYYCQHYYSTPWTFGGGTKLEIK	3046
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQGVSTTVA	3047
vlCDR2 (WO2016028656)	SASYRYT	3048
vlCDR3 (WO2016028656)	QHYYSTPWT	3049
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YASNLQT	3050
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YASSLQT	3051
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YASTLQT	3052
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YATTLQT	3053
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YASYLQT	3054
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YANQLQT	3055
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YAGSLQT	3056
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YASQLQT	3057
variante de vlCDR2 (WO2016028656)	YADSLQT	3058

Figura 24DU

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:62 de WO2016028656)	DIVMTQSHKFMSTSVGDRVSITCKASQGVSTTVAWYQQKPGQSPKLLIYSASYRYTGVPDRFTGSGSGT DFTFTISSVQSEDLAVYYCQHYYSTPWTFGGGTKLEIK	3059
vlCDR1 (de WO2016028656)	KASQGVSTTVA	3060
vlCDR2 (WO2016028656)	SASYRYT	3061
vlCDR3 (WO2016028656)	QHYYSTPWT	3062
variante de vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGFT	3063
variante de vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGYT	3064
variante de vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGIT	3065
variante de vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGVT	3066
variante de vlCDR3 (WO2016028656)	QQYYSGLT	3067

Figura 24DV

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:63 de WO2016028656)	DVQLQESGPGLVKPSQSLSLTCTVTGYSITSDYAWNWIRQFPGNKLEWMGYISNSGSASYNPSLKSRISI TRDTSKNQFFLQLNSVTTEDTATYYCATLIYYDYGGAMNFWGQGTSVTVSS	3068
vhCDR1 (de WO2016028656)	GYSITSDYAWN	3069
vhCDR2 (WO2016028656)	YISNSGSASYNPSLKS	3070
vhCDR3 (WO2016028656)	LIYYDYGGAMNF	3071
variante devHCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTFEGYFDF	3072
variante devHCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTYEGYFDF	3073
variante devHCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTIEGYFDF	3074
variante devHCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTVEGYFDF	3075
variante devHCDR3 (WO2016028656)	MPSFITLASLSTLEGYFDF	3076

Figura 24DW

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:94 de WO2016028656)	EVQLQQSGPELVKPGSSVKMSCKASGYTFSSYVMHWVKQKPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYNE KFKGKATLTSDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCARGGPYGWYFDVWGAGTTVTVSS	3077
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMH	3078
vhCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDGAKYNEKFK	3079
vhCDR3 (WO2016028656)	GPYGWYFDV	3080
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNrGAKYNEKFG	3081
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNlGAKYNEKFG	3082
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNkGAKYNEKFG	3083
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNfGAKYNEKFG	3084
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNsGAKYNEKFG	3085
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNyGAKYNEKFG	3086
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNvGAKYNEKFG	3087
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDrAKYNEKFKG	3088
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDnAKYNEKFKG	3089
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDqAKYNEKFKG	3090
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDeAKYNEKFKG	3091
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDlAKYNEKFKG	3092
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDkAKYNEKFKG	3093
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDsAKYNEKFKG	3094
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDyAKYNEKFKG	3095
variante de vHCDR2 (WO2016028656)	YIDPYNDvAKYNEKFKG	3096

Figura 24DX

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:94 de WO2016028656)	DIQMTQSPASLSASVGETVTITCRASEHIYSYLSWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSG SGSGTQFSLKINSLQPEDFGTYYCQHHFGSPLTFGAGTTLELK	3097
vlCDR1 (de WO2016028656)	RASEHIYSYLS	3098
vlCDR2 (WO2016028656)	NAKTLAE	3099
vlCDR3 (WO2016028656)	QHHFGSPLT	3100
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	AAKTLAE	3101
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	YAKTLAE	3102
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	WAKTLAE	3103
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	SAKTLAE	3104
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	TAKTLAE	3105
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	IAKTLAE	3106
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	VAKTLAE	3107
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	NNKTLAE	3108
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	NIKTLAE	3109
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	NLLTLAE	3110
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	NTKTLAE	3111
variante de vLCDR2 (WO2016028656)	NVKTLAE	3112

Figura 24DY

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:124 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQRLEWIGYIDPYNDGAKYSQKFQGR VTLTRDTSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3113
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMHW	3114
vhCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYSQKFQ	3115
vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGWYFDV	3116

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:125 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQRLEWIGYIDPYNDGAKYSQKFQGR VTLTSDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3117
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMH	3118
vhCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYSQKFQ	3119
vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGWYFDV	3120

Figura 24DZ

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:126 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYAQKFQGR VTLTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3121
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMH	3122
vhCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYAQ	3123
vhCDR3 (SEQ ID NO:13 de WO2016028656)	GGPYGWYFDV	3124

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:127 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYAQKFQGR VTLTSDKSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3125
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMH	3126
vhCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYAQKFQ	3127
vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGWYFDV	3128

Figura 24EA

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:128 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYAQKFQGR VTLTSDKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3129
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMH	3130
vhCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYAQKFQ	3131
vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGWYFDV	3132

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:129 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYAQKFQGR VTLTSDKSISTAYMELSRLRSDDTVVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3133
vhCDR1 (de WO2016028656)	SYVMH	3134
vhCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYAQKFQ	3135
vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGWYFDV	3136

Figura 24EB

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:130 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEHIYSYLSWYQQKPGKAPKLLIYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFATYYCQHHFGSPLTFGQGTRLEIK	3137
vlCDR1 (de WO2016028656)	RASEHIYSYLS	3138
vlCDR2 (de WO2016028656)	NAKTLAE	3139
vlCDR3 (de WO2016028656)	QHHFGSPLT	3140

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:131 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEHIYSYLSWYQQKPGKAPKLLIYNAKTLAE GVPSRFSGSGSGTQFTLTISSLQPEDFATYYCQHHFGSPLTFGQGTRLEIK	3141
vlCDR1 (de WO2016028656)	RASEHIYSYLS	3142
vlCDR2 (de WO2016028656)	NAKTLAE	3143
vlCDR3 (de WO2016028656)	QHHFGSPLT	3144

Figura 24EC

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:132 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEHIYSYLSWYQQKPGKVPKLLIYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDVATYYCQHHFGSPLTFGQGTRLEIK	3145
vlCDR1 (de WO2016028656)	RASEHIYSYLS	3146
vlCDR2 (de WO2016028656)	NAKTLAE	3147
vlCDR3 (de WO2016028656)	QHHFGSPLT	3148

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena ligera (SEQ ID NO:133 de WO2016028656)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEHIYSYLSWYQQKPGKVPKLLIYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGTQ FTLTISSLQPEDVATYYCQHHFGSPLTFGQGTRLEIK	3149
vlCDR1 (de WO2016028656)	RASEHIYSYLS	3150
vlCDR2 (de WO2016028656)	NAKTLAE	3151
vlCDR3 (de WO2016028656)	QHHFGSPLT	3152

Figura 24ED

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:129 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYAQKFQGRVTLTSDKSISTAYMELSRLRSDDTV VYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3153
variante de vHCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYAQKFQG	3154
variante de vHCDR2 (de WO2016028656)	YIDPYNDGAKYSQKFQG	3155

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:129 de WO2016028656)	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFSSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYIDPYNDGAKYAQKFQGRVTL TSDKSISTAYMELSRLRSDDTVVYYCARGGPYGWYFDVWGQGTTVTVSS	3156
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGAYFDV	3157
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGDYFDV	3158
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGEYFDV	3159
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGFYFDV	3160
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGGYFDV	3161
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGIYFDV	3162
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGKYFDV	3163
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGNYFDV	3164
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGQYFDV	3165
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGRYFDV	3166
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGSYFDV	3167
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGTYFDV	3168
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGVYFDV	3169
variante de vhCDR3 (de WO2016028656)	GGPYGYYFDV	3170

Figura 24EE

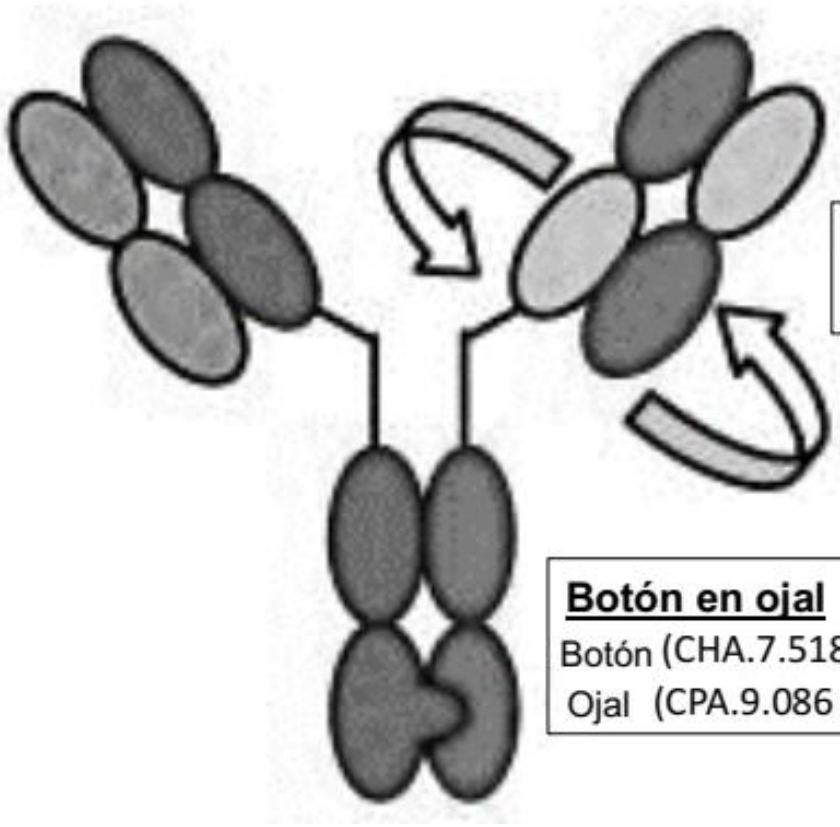
De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
VH 18G10 (SEQ ID NO:136 de WO2016028656)	QVQLMESGPGLVQPSQTLSLTCTVSGFPLTSYTVHWVRQPPGKGLEWIGAIWSSGSTDYNSALKSRLNI NRDSSKSQVFLKMNSLQTEDTAIYFCTKSGWAFFDYWGQGVMVTVSS	3171
VL 18G10 (SEQ ID NO:137 de WO2016028656)	DIQMTQSPSLLSASVGDRVTLNCIASQNIYKSLAWYQLKLGEAPKLLIYNANSLQAGIPSRFSGSGSGTDF ALTISGLQPEDVATYFCQQYSGGYTFGAGTKLELK	3172

De WO2016028656 (Tabla 4, reproducida en la presente)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
VH 11A11 (SEQ ID NO:138 de WO2016028656)	EVQLVESGGDLVQPGRSLKISCVASGFTFSDYYMAWVRLAPQKGLEWVASISYEGSRTHYGDSVRGRFI ISRDNPKNILYLQMNSLGSEDTATYFCARHTGTLDWLVYWGQGTLVIVSS	3173
VL 11A11 (SEQ ID NO:139 de WO2016028656)	NIVMAQSPKSMSISAGDRVTMNCKASQNVDNNIAWYQQKPGQSPKLLIFYASNRYSGVPDRFTGGGYG TDFTLTIKSVQAEDAAFYYCQRIYNFPTFGSGTKLEIK	3174

Figura 25



Tecnología CrossMab

(Intercambio de dominios CH1 y CL)

Botón en ojal

Botón (CHA.7.518.1.H4(S241P) HC): S354C E356D M358L T366W

Ojal (CPA.9.086 HC): Y349C E356D M358L T366S L368A Y407V

Figura 26A

CHA.7.518.1.H4(S241P) VH IgG1 CH1 IgG4 CH2-CH3 S354C, E356D, M358L, T366W (SEQ ID NO: 3175)

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYY
*CAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS*ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTV
PSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPP**C**Q**D**E**L**TKNQVSL**W**CLVKGFYPSDIAVEWES
NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

CHA.7.518.1.H4(S241P) VL Ckappa (SEQ ID NO: 3176)

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTF
*GQGTKLEIK*RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACE
VTHQGLSSPVTKSFNRGEC

CPA.9.086 HC Clambda Crossmab IgG4 Y349C, E356D, M358L, T366S, L368A, Y407V (SEQ ID NO: 3177)

EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYC
*ARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS*ASGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAAS
SYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECSESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNW
YVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV**C**TLPPSQ**D**E**L**TKNQVSL**S**C**A**VKGFY
PSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFL**V**SRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

CPA.9.086 LC CH1 (SEQ ID NO: 3178)

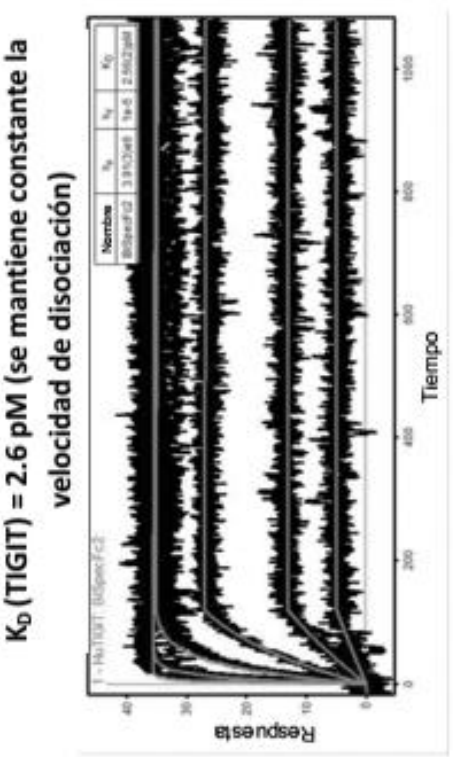
QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTSASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDI
*GRVLQLGGGTQLAVL*SSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQ
TYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSC

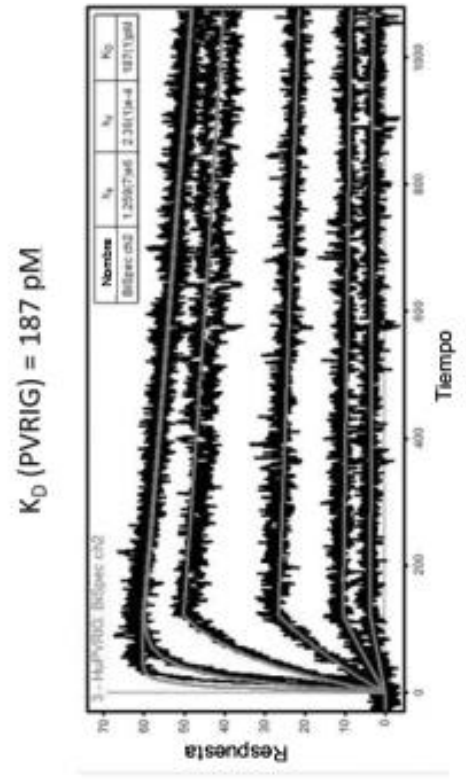
Figura 26B

Secuencia de anticuerpo para PVRIG (definición IMGT CDR negrita y subrayada)
CHA7.518.4 HC
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS**GYTFTDYN**INWVRQAPGQGLEWMGY**IYPYIGGS**GYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYY
C**AREDKTARNAMDY**WGQGTLVTVSS (SEQ ID NO: 3179)

Secuencia de anticuerpo para PVRIG (definición IMGT CDR negrita y subrayada)
CHA7.518.4 LC
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVS**ENIYDV**LAWYQQKPGKAPKLLIY**EAT**NLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC**QHFWGTP**
YTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 3180)

Figura 27


K$_D$ (TIGIT) = 2.6 pM (se mantiene constante la velocidad de disociación)
Respuesta
Tiempo


K$_D$ (PVRIG) = 187 pM
Respuesta
Tiempo

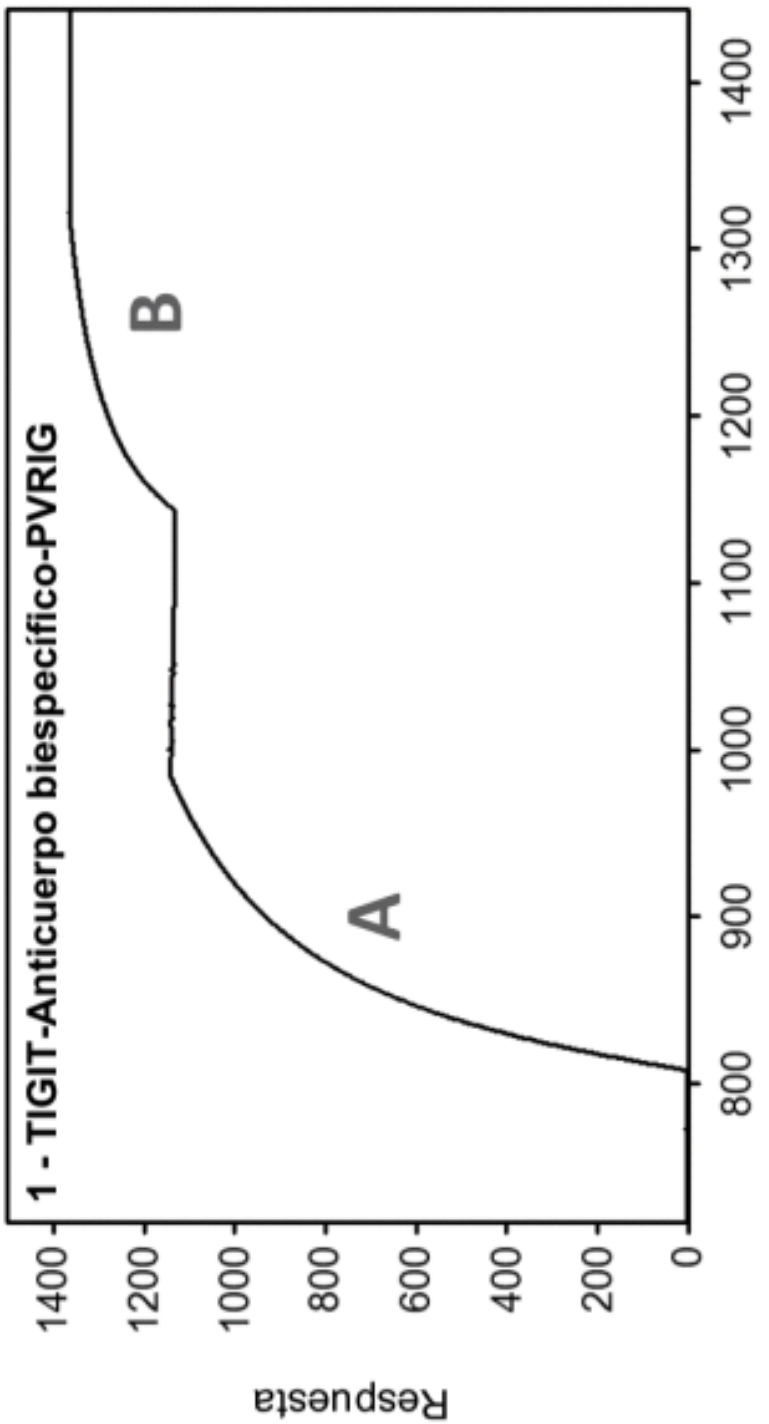

1 - TIGIT-Anticuerpo biespecífico-PVRIG
A
B
Respuesta
Tiempo
0
200
400
600
800
1000
1200
1400
800
900
1000
1100
1200
1300
1400

Figura 28

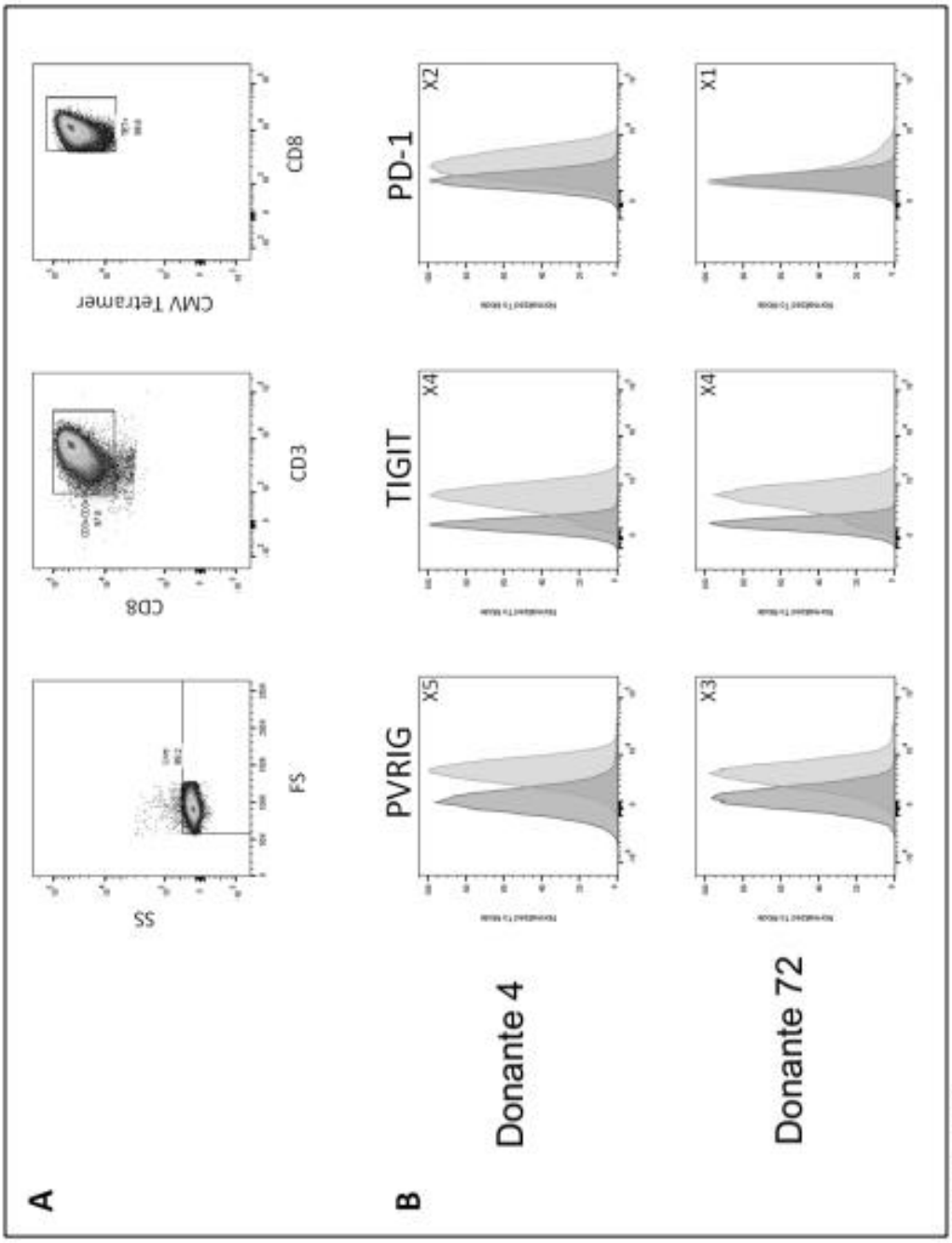

A
SS
FS
CD8
CD3
CMV Tetramer
CD8
B
PD-1
TIGIT
PVRIG
X1
X2
X3
X4
X5
Donante 4
Donante 72

Figura 29

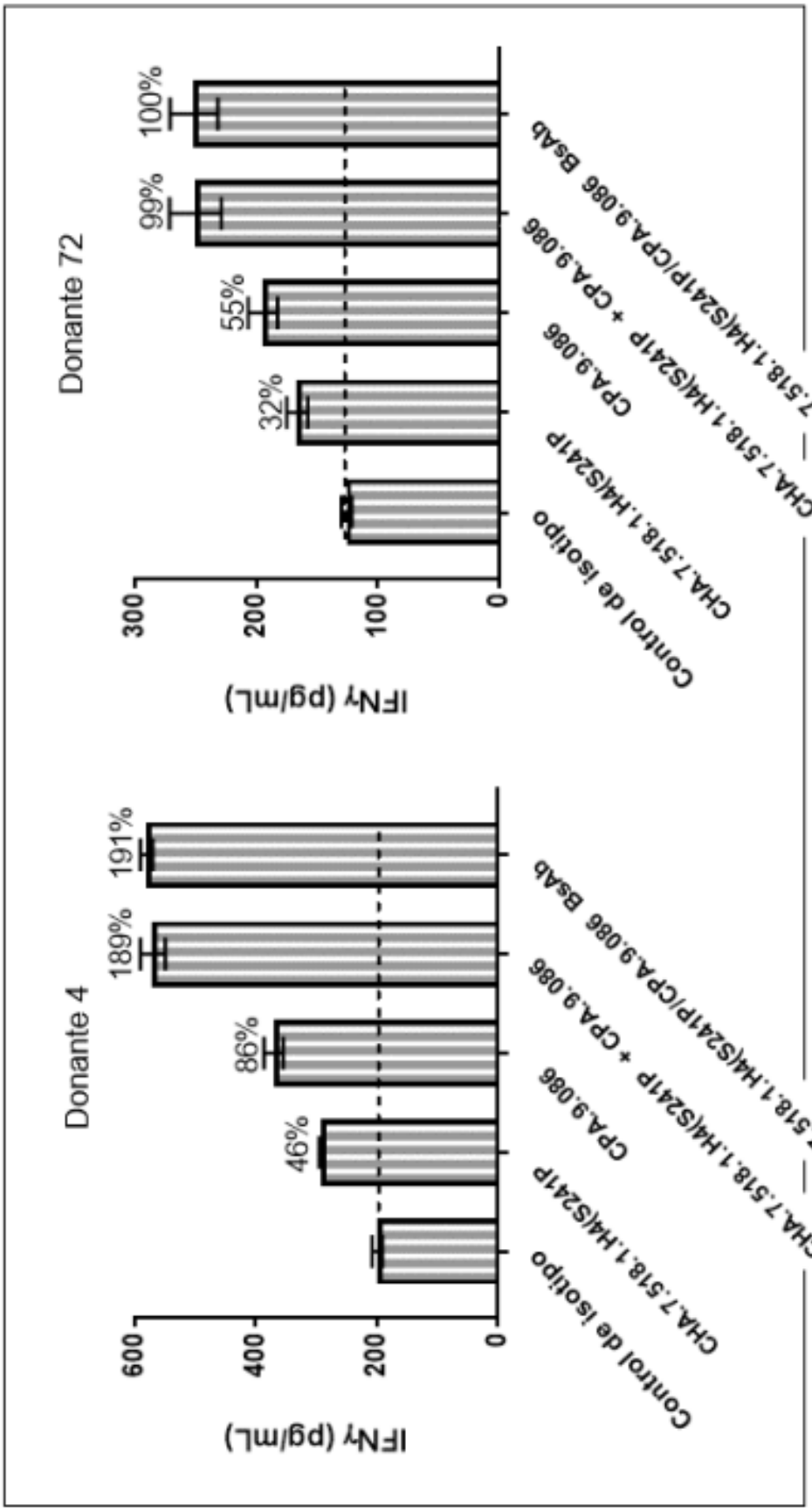

Donante 4
IFNγ (pg/mL)
0
200
400
600
46%
86%
189%
191%
Control de isotipo
CHA.7.518.1.H4(S241P
CPA.9.086
CHA.7.518.1.H4(S241P + CPA.9.086
CHA.7.518.1.H4(S241P/CPA.9.086 BSAb
Donante 72
IFNγ (pg/mL)
0
100
200
300
32%
55%
99%
100%
Control de isotipo
CHA.7.518.1.H4(S241P
CPA.9.086
CHA.7.518.1.H4(S241P + CPA.9.086
CHA.7.518.1.H4(S241P/CPA.9.086 BSAb

Figura 30

Figura 31A

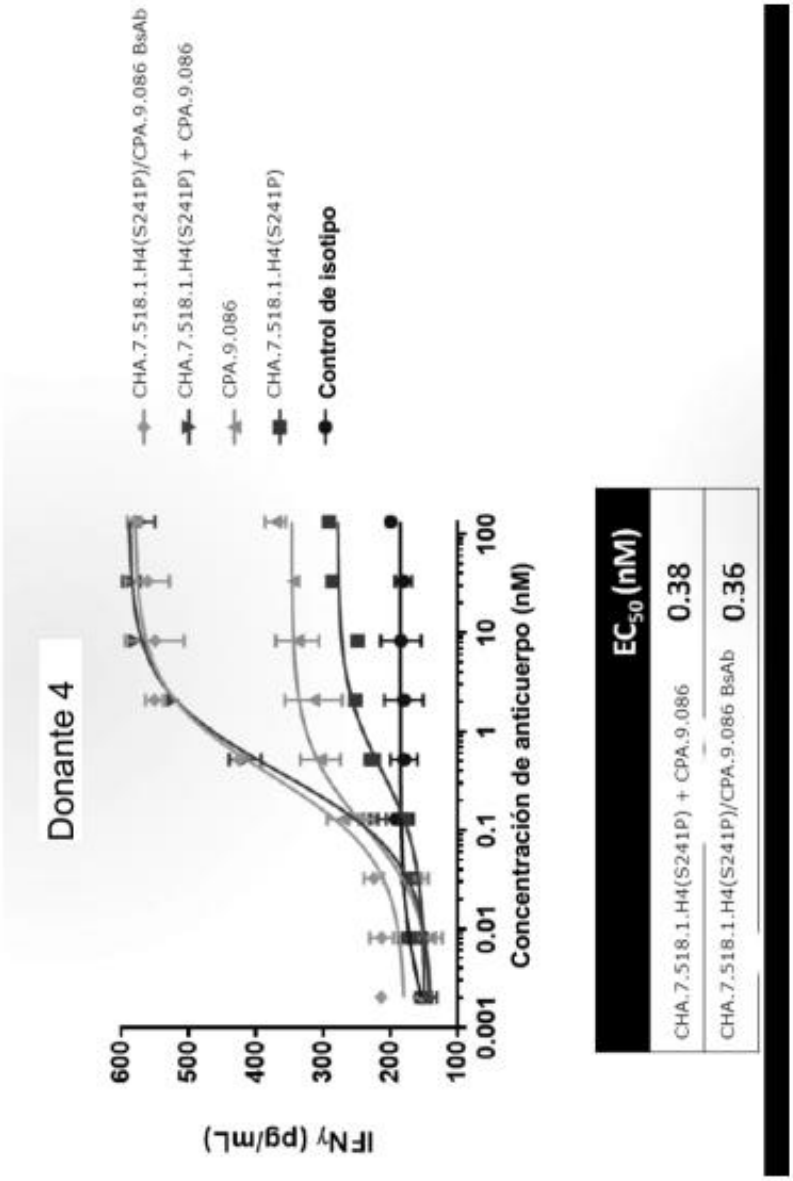
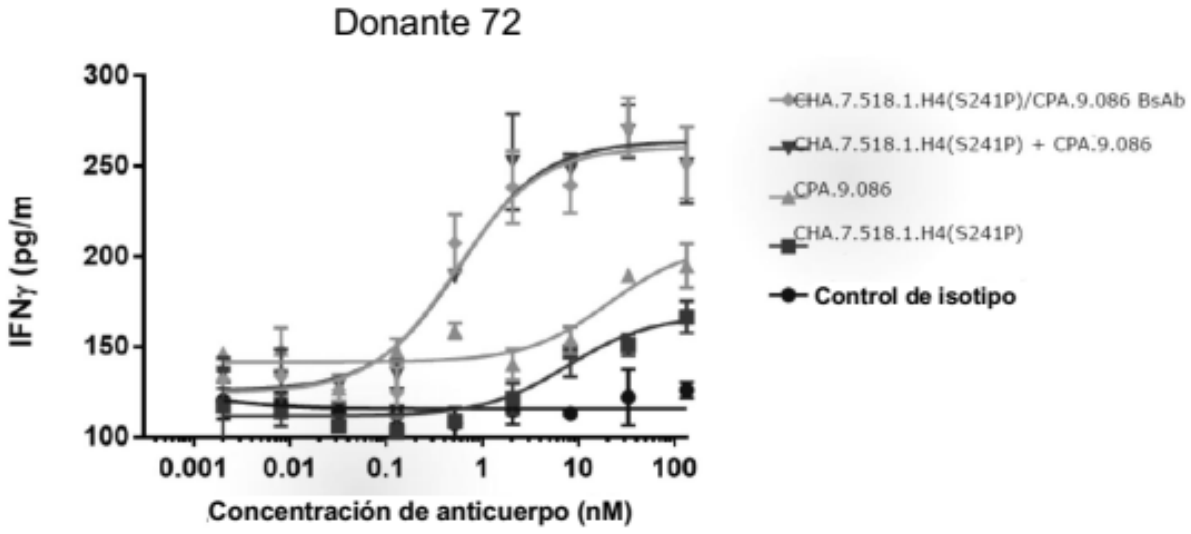

Donante 4
IFNγ (pg/mL)
600
500
400
300
200
100
0.001
0.01
0.1
1
10
100
Concentración de anticuerpo (nM)
CHA.7.518.1.H4(S241P)/CPA.9.086 BsAb
CHA.7.518.1.H4(S241P) + CPA.9.086
CPA.9.086
CHA.7.518.1.H4(S241P)
Control de isotipo
EC50 (nM)
CHA.7.518.1.H4(S241P) + CPA.9.086 0.38
CHA.7.518.1.H4(S241P)/CPA.9.086 BsAb 0.36

Figura 31B



	EC_{50} (nM)
CHA.7.518.1.H4(S241P) + CPA.9.086	0.58
CHA.7.518.1.H4(S241P)/CPA.9.086 BsAb	0.53

Figura 32

Fc heterodimerización.

estrategia	CH3 dominio 1	CH3 dominio 2	disulfuro fusionado en CH3
botones en ojales (Y-T)	T366Y	Y407T	no
botones en ojales (CW-CSAV)	S354C, T366W	Y349C, T366S, L368A, Y407V	sí
HA-TF	S364H, F405A	Y349T, T394F	
ZW1 (VYAV-VLLW)	T350V, L351Y, F405A, Y407V	T350V, T366L, K392L, T394W	no
pares de carga CH3 (DD-KK)	K392D, K409D	E356K, D399K	no
bisagra de IgG1/pares de carga CH3 (EEE-RRR)	IgG1: D221E, P228E, L368E	IgG1: D221R, P228R, K409R	no
bisagra de IgG2/pares de carga CH3 (EEE-RRR)	IgG2: C223E, P228E, L368E	IgG2: C223R, E225R, P228R, K409R	no
EW-RVT	K360E, K409W,	Q347R, D399V, F405T	no
EW-RVT$_{S-S}$	K360E, K409W, Y349C	Q347R, D399V, F405T, S354C	sí
Biclonic	366K (+351K)	351D or E or D at 349, 368, 349, or 349 + 355	no
DuoBody (L-R)	F405L	K409R	no
SEEDbody	quimera IgG/A	quimera IgG/A	no
BEAT	residuos de interfase de TCRα	residuos de interfase de TCRβ	no
7.8.60 (DMA-RRVV)	K360D, D399M, Y407A	E345R, Q347R, T366V, K409V	no
20.8.34 (SYMV-GDQA)	Y349S, K370Y, T366M, K409V	E356G, E357D, S364Q, Y407A	no

Figura 33

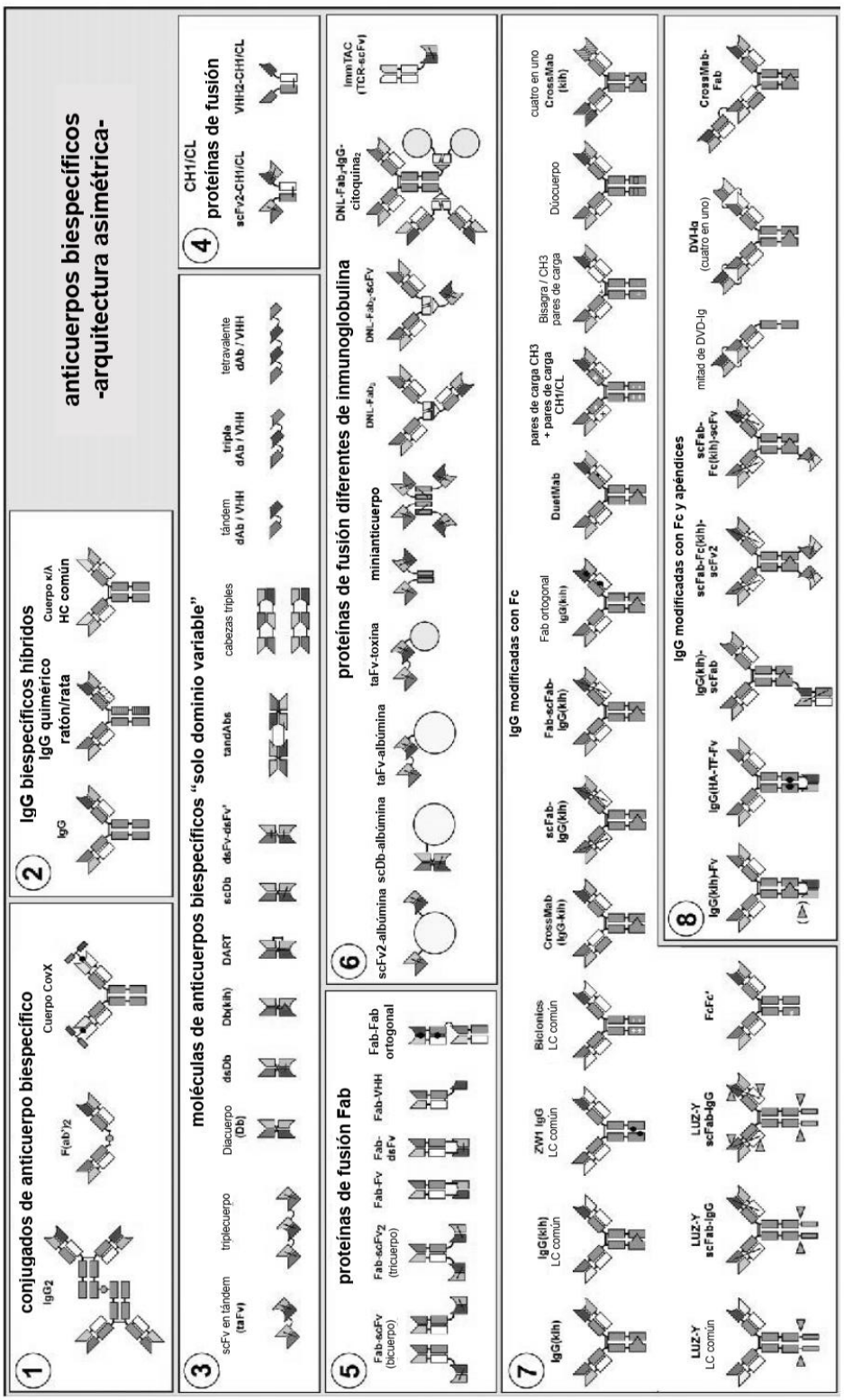

anticuerpos biespecíficos
-arquitectura asimétrica-
1 conjugados de anticuerpo biespecífico
IgG2
F(ab')2
Cuerpo CovX
2 IgG biespecíficos híbridos
IgG
IgG químérico ratón/rata
Cuerpo κ/λ HC común
3 moléculas de anticuerpos biespecíficos "solo dominio variable"
scFv en tándem (taFv)
triplecuerpo
Diacuerpo (Db)
dsDb
Db(klh)
DART
scDb
dsFv-dsFv'
tandAbs
cabezas triples
tándem dAb / VHH
triple dAb / VHH
tetravalente dAb / VHH
4 CH1/CL proteínas de fusión
scFv2-CH1/CL
VHH2-CH1/CL
5 proteínas de fusión Fab
Fab-scFv (bicuerpo)
Fab-scFv2 (tricuerpo)
Fab-Fv
Fab-dsFv
Fab-VHH
Fab-Fab ortogonal
6 proteínas de fusión diferentes de inmunoglobulina
scFv2-albúmina
scDb-albúmina
taFv-albúmina
taFv-toxina
minianticuerpo
DNL-Fab3
DNL-Fab2-scFv
DNL-Fab-IgG-citoquina2
ImmTAC (TCR-scFv)
7 IgG modificadas con Fc
IgG(klh)
IgG(klh) LC común
ZW1 IgG LC común
Biolonics LC común
CrossMab (IgG-klh)
scFab-IgG(klh)
Fab-scFab-IgG(klh)
Fab ortogonal IgG(klh)
DuetMab
pares de carga CH3 + pares de carga CH1/CL
Bisagra / CH3 pares de carga
Dúocuerpo
cuatro en uno CrossMab (klh)
LUZ-Y LC común
LUZ-Y scFab-IgG
LUZ-Y scFab-IgG
FcFc'
8 IgG modificadas con Fc y apéndices
IgG(klh)-Fv
IgG(HA-TF-Fv
IgG(klh)-scFab
scFab-Fc(klh)-scFv2
scFab-Fc(klh)-scFv
mitad de DVD-Ig
DVI-Ig (cuatro en uno)
CrossMab-Fab

Figura 34

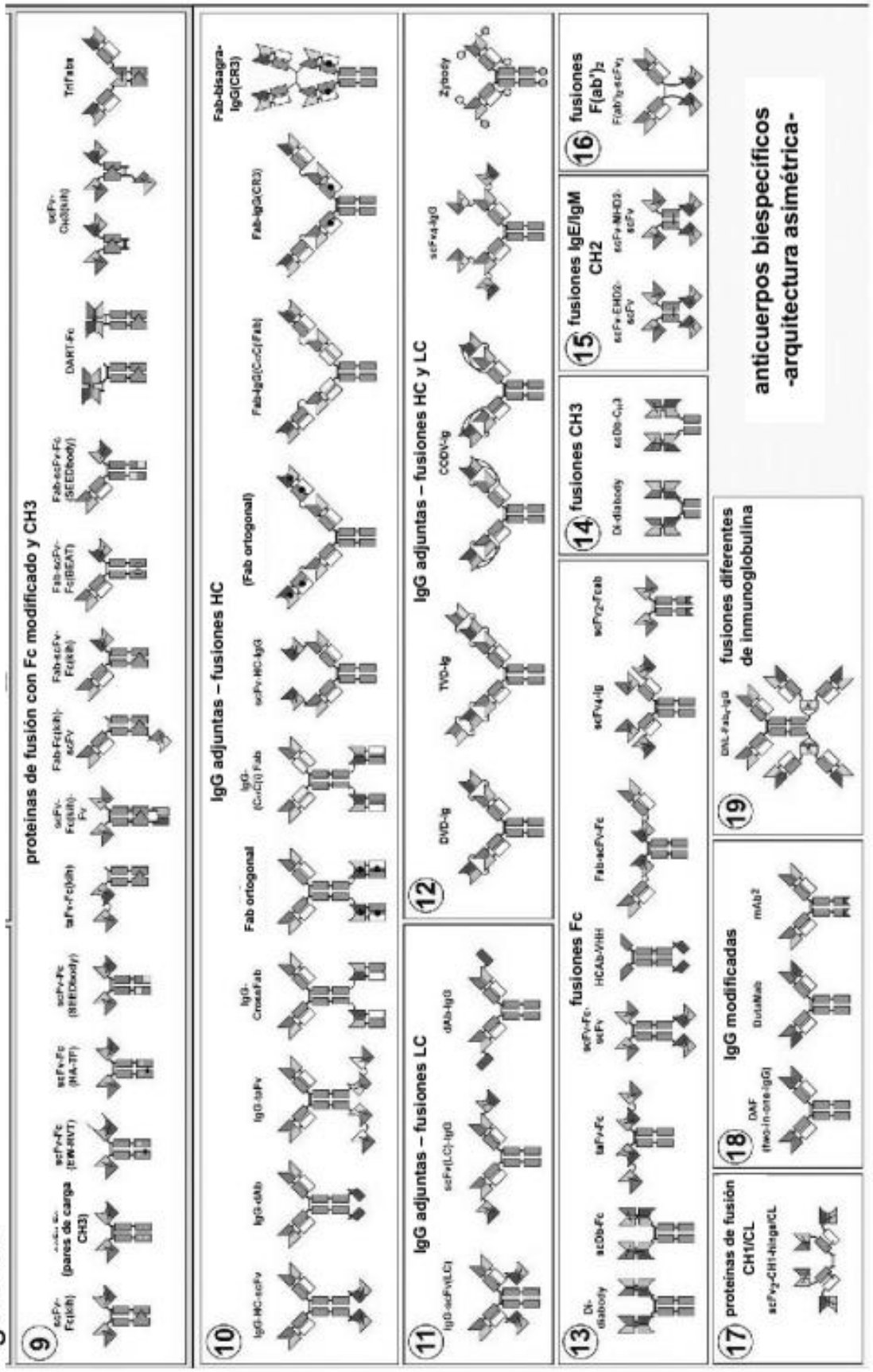

proteinas de fusión con Fc modificado y CH3
(9)
(pares de carga CH3)
scFv-Fc(kih)
scFv-Fc (EW-RVT)
scFv-Fc (HA-TF)
scFv-Fc (SEEDbody)
taFv-Fc(kih)
scFv-Fc(kih)-Fv
Fab-Fc(kih)-scFv
Fab-scFv-Fc(kih)
Fab-scFv-Fc(BEAT)
Fab-scFv-Fc (SEEDbody)
DART-Fc
scFv-CH3(kih)
TriFabs
IgG adjuntas – fusiones HC
(10)
IgG-HC-scFv
IgG-dAb
IgG-taFv
IgG-CrossFab
Fab ortogonal
IgG-(CrCl)-Fab
scFv-HC-IgG
(Fab ortogonal)
Fab-IgG(CrCl)-(Fab)
Fab-IgG(CR3)
Fab-bisagra-IgG(CR3)
IgG adjuntas – fusiones LC
(11)
IgG-scFv(LC)
scFv-[LC]-IgG
dAb-IgG
IgG adjuntas – fusiones HC y LC
(12)
DVD-Ig
TVD-Ig
CODV-Ig
scFv4-IgG
Zybody
fusiones Fc
(13)
Di-diabody
scDb-Fc
taFv-Fc
scFv-Fc-scFv
HCAb-VHH
Fab-scFv-Fc
scFv4-Ig
scFv2-Fcab
fusiones CH3
(14)
Di-diabody
scDb-Cγ3
fusiones IgE/IgM CH2
(15)
scFv-EHD2-scFv
scFv-NHD2-scFv
fusiones F(ab')2
(16)
F(ab')2-scFv1
proteinas de fusión CH1/CL
(17)
scFv2-CH1-hinge/CL
IgG modificadas
(18)
DAF (two-in-one-IgG)
DutaMab
mAb2
fusiones diferentes de inmunoglobulina
(19)
DNL-Fab4-IgG
anticuerpos biespecíficos
-arquitectura asimétrica-

Figura 35A

De WO 2017/041004

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:5 de WO 2017/041004)	EVQLQQSGAELVRSGASVKMSCKVNDYTFTNYNMHWLRQTPGQGLEWIGYIYPGNGDTNYNQKFKG KATLTADTSSSTAYMQIISLTSEDPAVYFCARQGIHYYYIDVWGAGTTVTVSSG	3181
vhCDR1 (SEQ ID NO:6 de WO 2017/041004)	DYTFTNYNMH	3182
vhCDR2 (SEQ ID NO:7 de WO 2017/041004)	YIYPGNGDTNYNQ	3183
vhCDR3 (SEQ ID NO:8 de WO 2017/041004)	QGIHYYYIDV	3184
Cadena ligera (SEQ ID NO:3 de WO 2017/041004)	DIEMTQSPATLSVTPGDRVSLSCRASQSIRDYLHWYQQKSHESPRLLIKYVSQSISGIPSRFSGSGSGS EFTLSINSVEPEDVGVYYCQNGHSLPLTFGSGTKLEIKRTV	3185
vlCDR1 (SEQ ID NO:9 de WO 2017/041004)	RASQSIRDYLH	3186
vlCDR2 (SEQ ID NO:10 de WO 2017/041004)	YVSQSIS	3187
vlCDR3 (SEQ ID NO:11 de WO 2017/041004)	QNGHSLPLT	3188

Figura 35B

De WO 2017/041004

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:32 de WO 2017/041004)	QVQLQQSGAELAKPGASVKMSCKASGYTFTSDWMHWVKQRPGQGLEWIGYINPSTGYTEYNQKFKD KATLTADKSSSTAYMQLRSLTSEDSAVYYCARGSSGSWFAYWGQGTLVTVSA	3189
vhCDR1 (SEQ ID NO:34 de WO 2017/041004)	SDWMH	3190
vhCDR2 (SEQ ID NO:35 de WO 2017/041004)	YINPSTGYTEYNQKFKD	3191
vhCDR3 (SEQ ID NO:36 de WO 2017/041004)	GSSGSWFAY	3192
Cadena ligera (SEQ ID NO:33 de WO 2017/041004)	DIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASQSVSTSSYSYMHWYQQKPGQPPKLLIKYASNLESGVPARFSG SGSGTDFTLNIHPVEEEDTATYYCQHSWEIPYTFGGGTKLEIK	3193
vlCDR1 (SEQ ID NO:37 de WO 2017/041004)	RASQSVSTSSYSYMH	3194
vlCDR2 (SEQ ID NO:38 de WO 2017/041004)	YASNLES	3195
vlCDR3 (SEQ ID NO:39 de WO 2017/041004)	QHSWEIPYT	3196

Figura 35C

De WO 2017/041004

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:32 de WO 2017/041004)	QVQLQQSGAELAKPGASVKMSCKASGYTFTSDWMHWVKQRPGQGLEWIGYINPSTGYTEYNQKFKD KATLTADKSSSTAYMQLRSLTSEDSAVYYCARGSSGSWFAYWGQGTLVTVSA	3197
vhCDR1 (SEQ ID NO:34 de WO 2017/041004)	SDWMH	3198
vhCDR2 (SEQ ID NO:35 de WO 2017/041004)	YINPSTGYTEYNQKFKD	3199
vhCDR3 (SEQ ID NO:36 de WO 2017/041004)	GSSGSWFAY	3200
Cadena ligera (SEQ ID NO:40 de WO 2017/041004)	DVVMTQTPLTLSVTIGQPASISCKSSQSLLNSDGKTYLNWLLQRPGQSPKRLIYLVSKLDSGVPDRFTG SGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHFPRTFGGGTKLEIK	3201
vlCDR1 (SEQ ID NO:41 de WO 2017/041004)	KSSQSLLNSDGKTYLN	3202
vlCDR2 (SEQ ID NO:42 de WO 2017/041004)	LVSKLDS	3203
vlCDR3 (SEQ ID NO:43 de WO 2017/041004)	WQGTHFPRT	3204

Figura 35D

De WO 2018/017864 (anticuerpo 334M5)

Descripción	secuencia	SEQ ID NO:
Cadena pesada (SEQ ID NO:30 de WO 2018/017864)	EVQLQQSVAELVRPGTSVTISCKASGYTFTNYWLGWVKQRPGHGLEWIGDIFPGGDYPNYNEKFKGK ATLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSSVYFCTRGYFDVWGAGTTVTVSS	3205
vhCDR1 (SEQ ID NO:31 de WO 2018/017864)	TNYWLG	3206
vhCDR2 (SEQ ID NO:32 de WO 2018/017864)	DIFPGGDYPNYNEKFKG	3207
vhCDR3 (SEQ ID NO:33 de WO 2018/017864)	TRGYFDV	3208
Cadena ligera (SEQ ID NO:25 de WO 2018/017864)	DIQMTQSPSSLSVSAGEKVTMSCKSSQSLLNSENQKNYLAWFQQKPGQPPKMLIYGASTR ESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLAVYYCQNDHSYPFTFGSGTKLEIKR	3209
vlCDR1 (SEQ ID NO:26 de WO 2018/017864)	KSSQSLLNSENQKNYLA	3210
vlCDR2 (SEQ ID NO:27 de WO 2018/017864)	GASTRES	3211
vlCDR3 (SEQ ID NO:28 de WO 2018/017864)	QNDHSYP	3212

Figura 36

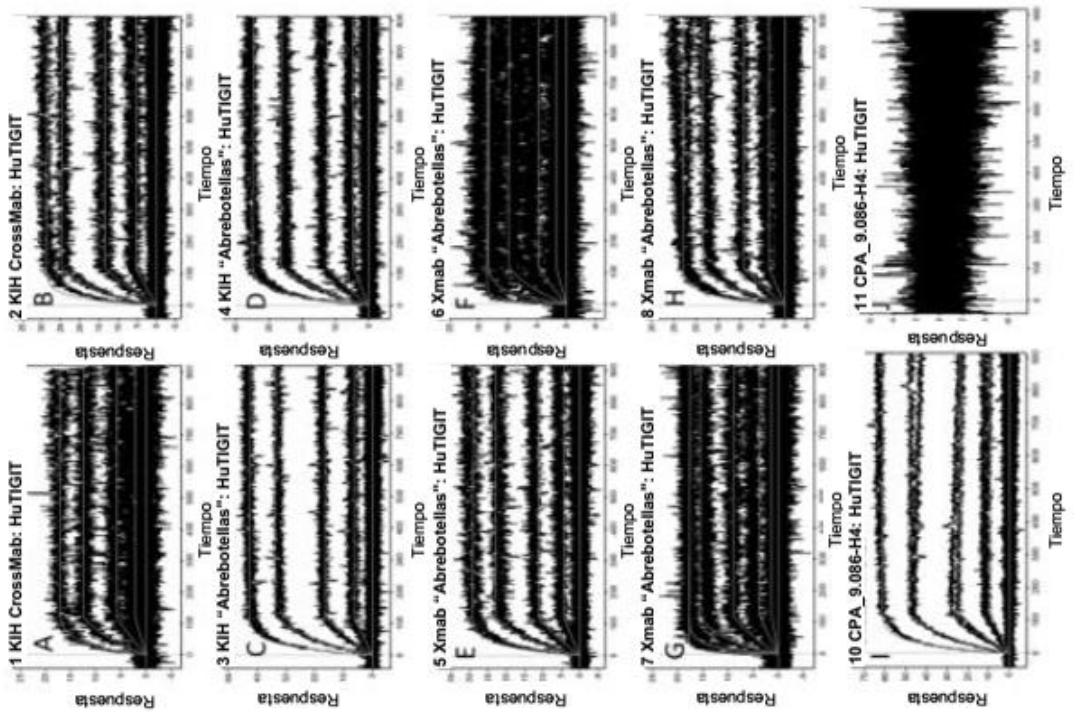

1 KIH CrossMab: HuTIGIT
A
2 KIH CrossMab: HuTIGIT
B
3 KIH "Abrebotellas": HuTIGIT
C
4 KIH "Abrebotellas": HuTIGIT
D
5 Xmab "Abrebotellas": HuTIGIT
E
6 Xmab "Abrebotellas": HuTIGIT
F
7 Xmab "Abrebotellas": HuTIGIT
G
8 Xmab "Abrebotellas": HuTIGIT
H
10 CPA_9.086-H4: HuTIGIT
I
11 CPA_9.086-H4: HuTIGIT
J
Respuesta
Tiempo

Figura 37

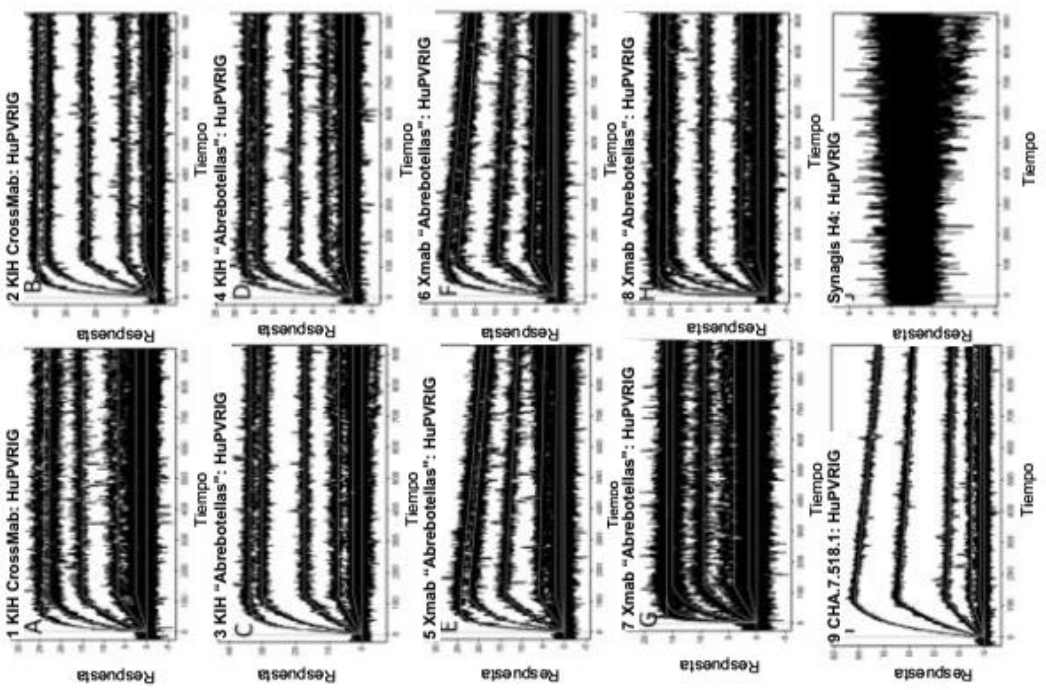

1 KIH CrossMab: HuPVRIG
A
2 KIH CrossMab: HuPVRIG
B
3 KIH "Abrebotellas": HuPVRIG
C
4 KIH "Abrebotellas": HuPVRIG
D
5 Xmab "Abrebotellas": HuPVRIG
E
6 Xmab "Abrebotellas": HuPVRIG
F
7 Xmab "Abrebotellas": HuPVRIG
G
8 Xmab "Abrebotellas": HuPVRIG
H
9 CHA.7.518.1: HuPVRIG
I
Synagis H4: HuPVRIG
J
Respuesta
Tiempo

Figura 38

	Unión a PIVRIG					
	Formato	**Cadena 1**	**Cadena 2**	**k_a (M^{-1} seg^{-1})**	**k_d (seg^{-1})**	**K_D (M)**
BsAb-1	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CHA.9.547.18-H4 CrossMab botón	3.10E+06	1.00E-05	3.23E-12
BsAb-2	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086-CrossMab H4 botón	2.85E+06	1.00E-05	3.51E-12
BsAb-3	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VL-VH)-H4 botón	2.15E+06	1.00E-05	4.65E-12
BsAb-4	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VH-VL)-H4 botón	2.32E+06	1.00E-05	4.32E-12
BsAb-14	IH "Abrebotellas"	CPA.9.086 scFv (VH-VL) var1	CHA.7.518.4 Fab var2	8.50E+05	2.95E-04	3.47E-10
BsAb-18	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1 scFv (VL-VH) var1	CPA.9.086 Fab var2	7.60E+05	2.63E-04	3.46E-10
BsAb-13	IH "Abrebotellas"	CHA.9.547.18 scFv (VH-VL) var1	CHA.7.518.4 Fab var2	2.64E+06	1.00E-05	3.78E-12
BsAb-19	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4 scFv (VL-VH) var1	CHA.9.547.18 Fab var2	2.58E+06	1.00E-05	3.88E-12
	mAb	CHA.7.518.1 H4		1.00E+06	2.65E-04	2.65E-10
	mAb	CPA.9.086-H4				No unión
	mAb	Synagis H4				No unión

Figura 39

	Unión a TIGIT					
	Formato	**Cadena 1**	**Cadena 2**	**k_a (M^{-1} seg^{-1})**	**k_d (seg^{-1})**	**K_D (M)**
BsAb-1	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CHA.9.547.18-H4 CrossMab botón	3.66E+06	1.00E-05	2.73E-12
BsAb-2	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086-CrossMab H4 botón	6.15E+06	1.00E-05	1.63E-12
BsAb-3	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VL-VH)-H4 botón	4.76E+06	1.00E-05	2.10E-12
BsAb-4	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VH-VL)-H4 botón	4.07E+06	1.00E-05	2.46E-12
BsAb-14	IH "Abrebotellas"	CPA.9.086 scFv (VH-VL) var1	CHA.7.518.4 Fab var2	4.58E+06	1.00E-05	2.18E-12
BsAb-18	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1 scFv (VL-VH) var1	CPA.9.086 Fab var2	3.85E+06	1.00E-05	2.60E-12
BsAb-13	IH "Abrebotellas"	CHA.9.547.18 scFv (VH-VL) var1	CHA.7.518.4 Fab var2	2.07E+06	1.00E-08	4.83E-15
BsAb-19	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4 scFv (VL-VH) var1	CHA.9.547.18 Fab var2	4.77E+06	1.00E-05	2.10E-12
	mAb	CHA.7.518.1 H4				No unión
	mAb	CPA.9.086-H4		5.25E+06	1.00E-05	1.90E-12
	mAb	Synagis H4				No unión

Figura 40A

CHA.7.518.1 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3213
vhCDR1	GYTFTDYN	3214
vhCDR2	IYPYIGGS	3215
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3216
Secuencia de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKggggsggggsggggsQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASG YTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCA REDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3217
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3218
vlCDR1	ENIYSN	3219
vlCDR2	EAT	3220
vlCDR3	QHFWGTPYT	3221
Enlazador	ggggsggggsggggs	3222

Figura 40B

CHA.7.518.1 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3223
vhCDR1	GYTFTDYN	3224
vhCDR2	IYPYIGGS	3225
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3226
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSggggsggggsggggsDIQMTQSPS SLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDF ATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3227
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3228
vlCDR1	ENIYSN	3229
vlCDR2	EAT	3230
vlCDR3	QHFWGTPYT	3231
Enlazador	ggggsggggsggggs	3232

Figura 40C

CHA.7.518.1 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3233
vhCDR1	GYTFTDYN	3234
vhCDR2	IYPYIGGS	3235
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3236
Secuencia de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKggggsggggsggggsQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASG YTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCA REDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3237
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3238
vlCDR1	ENIYSN	3239
vlCDR2	EAT	3240
vlCDR3	QHFWGTPYT	3241
Enlazador	ggggsggggsggggs	3242

Figura 40D

CHA.7.518.1 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3243
vhCDR1	GYTFTDYN	3244
vhCDR2	IYPYIGGS	3245
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3246
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSggggsggggsggggsDIQMTQSPS SLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDF ATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3247
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3248
vlCDR1	ENIYSN	3249
vlCDR2	EAT	3250
vlCDR3	QHFWGTPYT	3251
Enlazador	ggggsggggsggggs	3252

Figura 40E

CHA.7.518.1 hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3253
vhCDR1	GYTFTDYN	3254
vhCDR2	IYPYIGGS	3255
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3256
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQ MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPG	3257
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3258
vlCDR1	ENIYSN	3259
vlCDR2	EAT	3260
vlCDR3	QHFWGTPYT	3261
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3262

Figura 40F

CHA.7.518.1 hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3263
vhCDR1	GYTFTDYN	3264
vhCDR2	IYPYIGGS	3265
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3266
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSDTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPG	3267
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3268
vlCDR1	ENIYSN	3269
vlCDR2	EAT	3270
vlCDR3	QHFWGTPYT	3271
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3272

Figura 40G

CHA.7.518.1 VH Ckappa- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V Ojal

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3273
vhCDR1	GYTFTDYN	3274
vhCDR2	IYPYIGGS	3275
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3276
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQG LSSPVTKSFNRGECESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV CTLPPSQDELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQE GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3277
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3278
vlCDR1	ENIYSN	3279
vlCDR2	EAT	3280
vlCDR3	QHFWGTPYT	3281
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRV	3282

Figura 40H

CHA.7.518.1 VH Ckappa- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3283
vhCDR1	GYTFTDYN	3284
vhCDR2	IYPYIGGS	3285
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3286
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQG LSSPVTKSFNRGECESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV YTLPPCQDELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQE GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3287
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3288
vlCDR1	ENIYSN	3289
vlCDR2	EAT	3290
vlCDR3	QHFWGTPYT	3291
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRV	3292

Figura 40l

CHA.7.518.1 VH hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V OjaI

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3293
vhCDR1	GYTFTDYN	3294
vhCDR2	IYPYIGGS	3295
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3296
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTS ESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSN TKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVE VHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVCTLPPSQ DELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQEGNVFSCS VMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3297
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3298
vlCDR1	ENIYSN	3299
vlCDR2	EAT	3300
vlCDR3	QHFWGTPYT	3301
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3302

Figura 40J

CHA.7.518.1 VH hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3303
vhCDR1	GYTFTDYN	3304
vhCDR2	IYPYIGGS	3305
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3306
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTS ESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSN TKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVE VHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPCQ DELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCS VMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3307
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3308
vlCDR1	ENIYSN	3309
vlCDR2	EAT	3310
vlCDR3	QHFWGTPYT	3311
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYSNLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3312

Figura 40K

CHA.7.518.4 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3313
vhCDR1	GYTFTDYN	3314
vhCDR2	IYPYIGGS	3315
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3316
Secuencia de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKggggsggggsggggsQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASG YTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCA REDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3317
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3318
vlCDR1	ENIYDV	3319
vlCDR2	EAT	3320
vlCDR3	QHFWGTPYT	3321
Enlazador	ggggsggggsggggs	3322

Figura 40L

CHA.7.518.4 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3323
vhCDR1	GYTFTDYN	3324
vhCDR2	IYPYIGGS	3325
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3326
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSggggsggggsggggsDIQMTQSPS SLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDF ATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3327
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3328
vlCDR1	ENIYDV	3329
vlCDR2	EAT	3330
vlCDR3	QHFWGTPYT	3331
Enlazador	ggggsggggsggggs	3332

Figura 40M

CHA.7.518.4 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3333
vhCDR1	GYTFTDYN	3334
vhCDR2	IYPYIGGS	3335
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3336
Secuencia de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKggggsggggsggggsQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASG YTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCA REDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3337
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3338
vlCDR1	ENIYDV	3339
vlCDR2	EAT	3340
vlCDR3	QHFWGTPYT	3341
Enlazador	ggggsggggsggggs	3342

Figura 40N

CHA.7.518.4 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3343
vhCDR1	GYTFTDYN	3344
vhCDR2	IYPYIGGS	3345
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3346
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSggggsggggsggggsDIQMTQSPS SLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDF ATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK QEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLT VDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3347
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3348
vlCDR1	ENIYDV	3349
vlCDR2	EAT	3350
vlCDR3	QHFWGTPYT	3351
Enlazador	ggggsggggsggggs	3352

Figura 40O

CHA.7.518.4 hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3353
vhCDR1	GYTFTDYN	3354
vhCDR2	IYPYIGGS	3355
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3356
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQ MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPG	3357
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3358
vlCDR1	ENIYDV	3359
vlCDR2	EAT	3360
vlCDR3	QHFWGTPYT	3361
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3362

Figura 40P

CHA.7.518.4 hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3363
vhCDR1	GYTFTDYN	3364
vhCDR2	IYPYIGGS	3365
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3366
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSDTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPG	3367
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3368
vlCDR1	ENIYDV	3369
vlCDR2	EAT	3370
vlCDR3	QHFWGTPYT	3371
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3372

Figura 40Q

CHA.7.518.4 VH Ckappa- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V Ojal

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3373
vhCDR1	GYTFTDYN	3374
vhCDR2	IYPYIGGS	3375
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3376
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQG LSSPVTKSFNRGECESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV CTLPPSQDELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQE GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3377
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3378
vlCDR1	ENIYDV	3379
vlCDR2	EAT	3380
vlCDR3	QHFWGTPYT	3381
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRV	3382

Figura 40R

CHA.7.518.4 VH Ckappa- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3383
vhCDR1	GYTFTDYN	3384
vhCDR2	IYPYIGGS	3385
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3386
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQG LSSPVTKSFNRGECESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV YTLPPCQDELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQE GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3387
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3388
vlCDR1	ENIYDV	3389
vlCDR2	EAT	3390
vlCDR3	QHFWGTPYT	3391
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRV	3392

Figura 40S

CHA.7.518.4 VH hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V OjaI

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3393
vhCDR1	GYTFTDYN	3394
vhCDR2	IYPYIGGS	3395
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3396
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTS ESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSN TKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVE VHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVCTLPPSQ DELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQEGNVFSCS VMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3397
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3398
vlCDR1	ENIYDV	3399
vlCDR2	EAT	3400
vlCDR3	QHFWGTPYT	3401
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3402

Figura 40T

CHA.7.518.4 VH hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSS	3403
vhCDR1	GYTFTDYN	3404
vhCDR2	IYPYIGGS	3405
vhCDR3	AREDKTARNAMDY	3406
Secuencia de longitud completa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTDYNINWVRQAPGQGLEWMGYIYPYIGGSGYAQKFQGRVTM TRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAREDKTARNAMDYWGQGTLVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTS ESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSN TKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVE VHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPCQ DELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCS VMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3407
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIK	3408
vlCDR1	ENIYDV	3409
vlCDR2	EAT	3410
vlCDR3	QHFWGTPYT	3411
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRVSENIYDVLAWYQQKPGKAPKLLIYEATNLAEGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQHFWGTPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3412

Figura 41A

CPA.9.086 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3413
vhCDR1	GFTFSSYA	3414
vhCDR2	ISYAGEVK	3415
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3416
Secuencia de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLggggsggggsggggsEVQLVETGGGLIQPGRSLRLSC AASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAV YYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV VVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFF LYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3417
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3418
vlCDR1	SSNMGRRP	3419
vlCDR2	SQN	3420
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3421
Enlazador	ggggsggggsggggs	3422

Figura 41B

CPA.9.086 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3423
vhCDR1	GFTFSSYA	3424
vhCDR2	ISYAGEVK	3425
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3426
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsQSALTQPRSA SGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTSASLTISGLQSE DEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV VVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFF LYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3427
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3428
vlCDR1	SSNMGRRP	3429
vlCDR2	SQN	3430
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3431
Enlazador	ggggsggggsggggs	3432

Figura 41C

CPA.9.086 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3433
vhCDR1	GFTFSSYA	3434
vhCDR2	ISYAGEVK	3435
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3436
Secuencia de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLggggsggggsggggsEVQLVETGGGLIQPGRSLRLSC AASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAV YYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV VVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFF LYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3437
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3438
vlCDR1	SSNMGRRP	3439
vlCDR2	SQN	3440
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3441
Enlazador	ggggsggggsggggs	3442

Figura 41D

CPA.9.086 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3443
vhCDR1	GFTFSSYA	3444
vhCDR2	ISYAGEVK	3445
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3446
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsQSALTQPRSA SGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTSASLTISGLQSE DEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV VVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFF LYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3447
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3448
vlCDR1	SSNMGRRP	3449
vlCDR2	SQN	3450
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3451
Enlazador	ggggsggggsggggs	3452

Figura 41E

CPA.9.086 hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3453
vhCDR1	GFTFSSYA	3454
vhCDR2	ISYAGEVK	3455
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3456
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSDTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQ MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPG	3457
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3458
vlCDR1	SSNMGRRP	3459
vlCDR2	SQN	3460
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3461
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	3462

Figura 41F

CPA.9.086 hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3463
vhCDR1	GFTFSSYA	3464
vhCDR2	ISYAGEVK	3465
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3466
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSEST AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSDTKV DKRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVH NAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEE MTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPG	3467
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3468
vlCDR1	SSNMGRRP	3469
vlCDR2	SQN	3470
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3471
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	3472

Figura 41G

CPA.9.086 VH Clambda- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V Ojal

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3473
vhCDR1	GFTFSSYA	3474
vhCDR2	ISYAGEVK	3475
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3476
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASGQPKAAPSVTLFPPSSEELQ ANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHE GSTVEKTVAPTECSESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV CTLPPSQDELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQE GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3477
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3478
vlCDR1	SSNMGRRP	3479
vlCDR2	SQN	3480
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3481
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSC	3482

Figura 41H

CPA.9.086 VH Clambda- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3483
vhCDR1	GFTFSSYA	3484
vhCDR2	ISYAGEVK	3485
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3486
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASGQPKAAPSVTLFPPSSEELQ ANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHE GSTVEKTVAPTECSESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQV YTLPPCQDELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQE GNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3487
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3488
vlCDR1	SSNMGRRP	3489
vlCDR2	SQN	3490
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3491
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSC	3492

Figura 41I

CPA.9.086 VH hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V Ojal

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3493
vhCDR1	GFTFSSYA	3494
vhCDR2	ISYAGEVK	3495
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3496
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTSE STAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNT KVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVCTLPPSQD ELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQEGNVFSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPG	3497
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3498
vlCDR1	SSNMGRRP	3499
vlCDR2	SQN	3500
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3501
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	3502

Figura 41J

CPA.9.086 VH hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSS	3503
vhCDR1	GFTFSSYA	3504
vhCDR2	ISYAGEVK	3505
vhCDR3	ARDPLPLHYYGMDV	3506
Secuencia de longitud completa	EVQLVETGGGLIQPGRSLRLSCAASGFTFSSYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYAGEVKYYADSVKGRFTISR DNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDPLPLHYYGMDVWGQGTTVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTSE STAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNT KVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPCQD ELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPG	3507
Dominio variable ligero (vl)	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVL	3508
vlCDR1	SSNMGRRP	3509
vlCDR2	SQN	3510
vlCDR3	AVWDDIGRVLQ	3511
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	QSALTQPRSASGNPGQRVTISCSGSSSNMGRRPVNWYQQIPGTAPKLLIYSQNQRPSGVPDRFSGSQSGTS ASLTISGLQSEDEAEYFCAVWDDIGRVLQLGGGTQLAVLGQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYP GAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS	3512

Figura 41K

CHA.9.547.18 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3513
vhCDR1	GFTFSSYI	3514
vhCDR2	ISGGSKGQ	3515
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3516
Secuencia de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKggggsggggsggggsEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG FTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK WLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQE DPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKG QPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVD KSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3517
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3518
vlCDR1	QSMAIW	3519
vlCDR2	KAS	3520
vlCDR3	QQGQSYPYT	3521
Enlazador	ggggsggggsggggs	3522

Figura 41L

CHA.9.547.18 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3523
vhCDR1	GFTFSSYI	3524
vhCDR2	ISGGSKGQ	3525
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3526
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSggggsggggsggggsDIQMTQSPSSL SASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT YYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQ EDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSQEQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTV DKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3527
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3528
vlCDR1	QSMAIW	3529
vlCDR2	KAS	3530
vlCDR3	QQGQSYPYT	3531
Enlazador	ggggsggggsggggs	3532

Figura 41M

CHA.9.547.18 scFv (VL-enlazador-VH) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3533
vhCDR1	GFTFSSYI	3534
vhCDR2	ISGGSKGQ	3535
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3536
Secuencia de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKggggsggggsggggsEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG FTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK WLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQE DPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKG QPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVD KSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3537
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3538
vlCDR1	QSMAIW	3539
vlCDR2	KAS	3540
vlCDR3	QQGQSYPYT	3541
Enlazador	ggggsggggsggggs	3542

Figura 41N

CHA.9.547.18 scFv (VH-enlazador-VL) hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3543
vhCDR1	GFTFSSYI	3544
vhCDR2	ISGGSKGQ	3545
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3546
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSggggsggggsggggsDIQMTQSPSSL SASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT YYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQ EDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTV DKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3547
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3548
vlCDR1	QSMAIW	3549
vlCDR2	KAS	3550
vlCDR3	QQGQSYPYT	3551
Enlazador	ggggsggggsggggs	3552

Figura 41O

CHA.9.547.18 hIgG4 Variante 1

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3553
vhCDR1	GFTFSSYI	3554
vhCDR2	ISGGSKGQ	3555
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3556
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVD KRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVHN AKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQM TKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMH EALHNHYTQKSLSLSPG	3557
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3558
vlCDR1	QSMAIW	3559
vlCDR2	KAS	3560
vlCDR3	QQGQSYPYT	3561
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3562

Figura 41P

CHA.9.547.18 hIgG4 Variante 2

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3563
vhCDR1	GFTFSSYI	3564
vhCDR2	ISGGSKGQ	3565
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3566
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSDTKVD KRVESKYGPPCPPCPAPPVA()GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKQEDPEVQFNWYVDGVEVHN AKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEM TKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVMH EALHNHYTQKSLSLSPG	3567
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3568
vlCDR1	QSMAIW	3569
vlCDR2	KAS	3570
vlCDR3	QQGQSYPYT	3571
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3572

Figura 41Q

CHA.9.547.18 VH Ckappa- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V Ojal

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3573
vhCDR1	GFTFSSYI	3574
vhCDR2	ISGGSKGQ	3575
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3576
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLS SPVTKSFNRGECESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWY VDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVCT LPPSQDELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQEGN VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3577
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3578
vlCDR1	QSMAIW	3579
vlCDR2	KAS	3580
vlCDR3	QQGQSYPYT	3581
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKSSASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRV	3582

Figura 41R

CHA.9.547.18 VH Ckappa- VL-CH1 Crossmab hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3583
vhCDR1	GFTFSSYI	3584
vhCDR2	ISGGSKGQ	3585
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3586
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLS SPVTKSFNRGECESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWY VDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYT LPPCQDELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGN VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG	3587
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3588
vlCDR1	QSMAIW	3589
vlCDR2	KAS	3590
vlCDR3	QQGQSYPYT	3591
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTV SWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRV	3592

Figura 41S

CHA.9.547.18 VH hIgG4 Fc Y349C E356D L358L T366S L368A Y407V Ojal

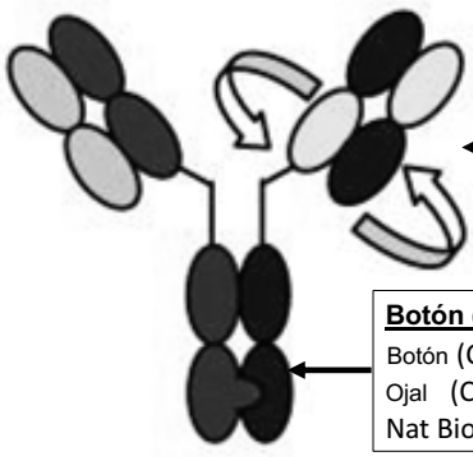
Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3593
vhCDR1	GFTFSSYI	3594
vhCDR2	ISGGSKGQ	3595
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3596
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTSES TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTK VDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVCTLPPSQD ELTKNQVSLSCAVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLVSRLTVDKSRWQEGNVFSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPG	3597
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3598
vlCDR1	QSMAIW	3599
vlCDR2	KAS	3600
vlCDR3	QQGQSYPYT	3601
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3602

Figura 41T

CHA.9.547.18 VH hIgG4 Fc Y354C E356D M348L T366W Botón

Descripción	Secuencia	SEQ ID NO:
Dominio variable pesado (vh)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSS	3603
vhCDR1	GFTFSSYI	3604
vhCDR2	ISGGSKGQ	3605
vhCDR3	AKWLLSYYAMDY	3606
Secuencia de longitud completa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYIMSWVRQAPGKGLEWVATISGGSKGQYYADSVKGRFTIS RDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKWLLSYYAMDYWGQGTLVTVSSASASTKGPSVFPLAPCSRSTSES TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTK VDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPCQD ELTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPG	3607
Dominio variable ligero (vl)	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIK	3608
vlCDR1	QSMAIW	3609
vlCDR2	KAS	3610
vlCDR3	QQGQSYPYT	3611
Secuencia de cadena ligera de longitud completa	DIQMTQSPSSLSASVGDRITITCRASQSMAIWLSWYQQKPGKAPKLLIYKASKSHTGVPSRFSGSGSGTDFTL TISSLQPEDFATYYCQQGQSYPYTFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC	3612

Figura 42



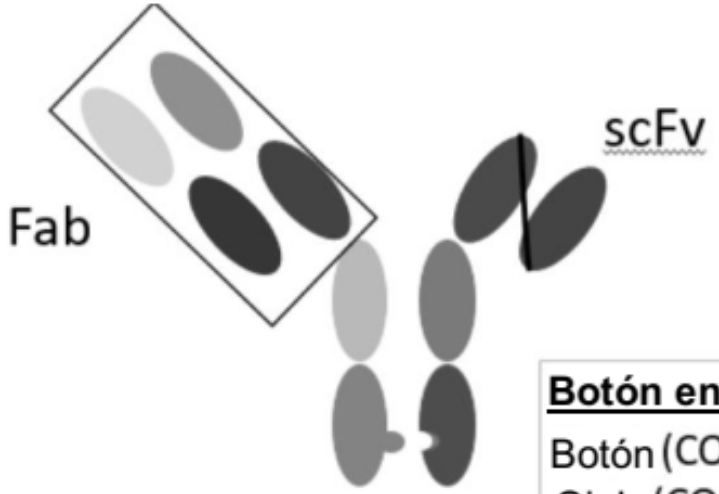
Tecnología CrossMab
(Intercambio de dominios CH1 y CL)
MAbs. 2016 Ago-Sep; 8(6): 1010–1020.

Botón en ojal
Botón (COM902 HC): S354C E356D M358L T366W + CrossMab
Ojal (COM701 HC): Y349C E356D M358L T366S L368A Y407V
Nat Biotechnol. 1998 Jul;16(7):677-81.

Imagen: Proc Natl Acad Sci U S A. 2011 Jul 5; 108(27): 11187–11192

Figura 43

Formato de “abrebotellas”



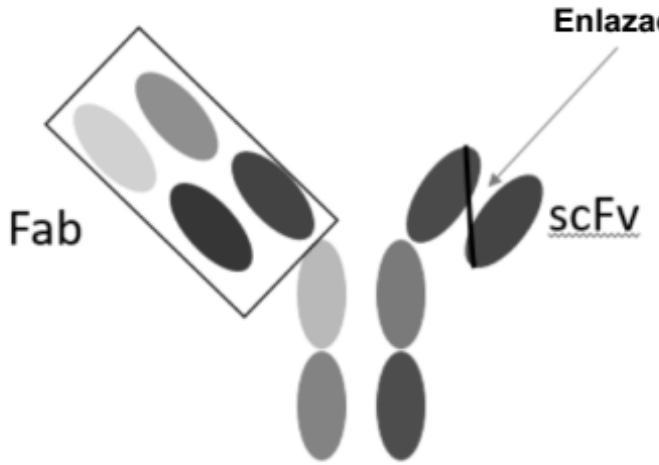
Botón en ojal

Botón (COM701 HC): S354C E356D M358L T366W

Ojal (COM902 HC): Y349C E356D M358L T366S L368A Y407V

Figura 44

Formato de “abrebotellas”



Heterodimerización isovolumétrica

Variante 1: E233P L234V L235A G236del S267K S357Q S364K

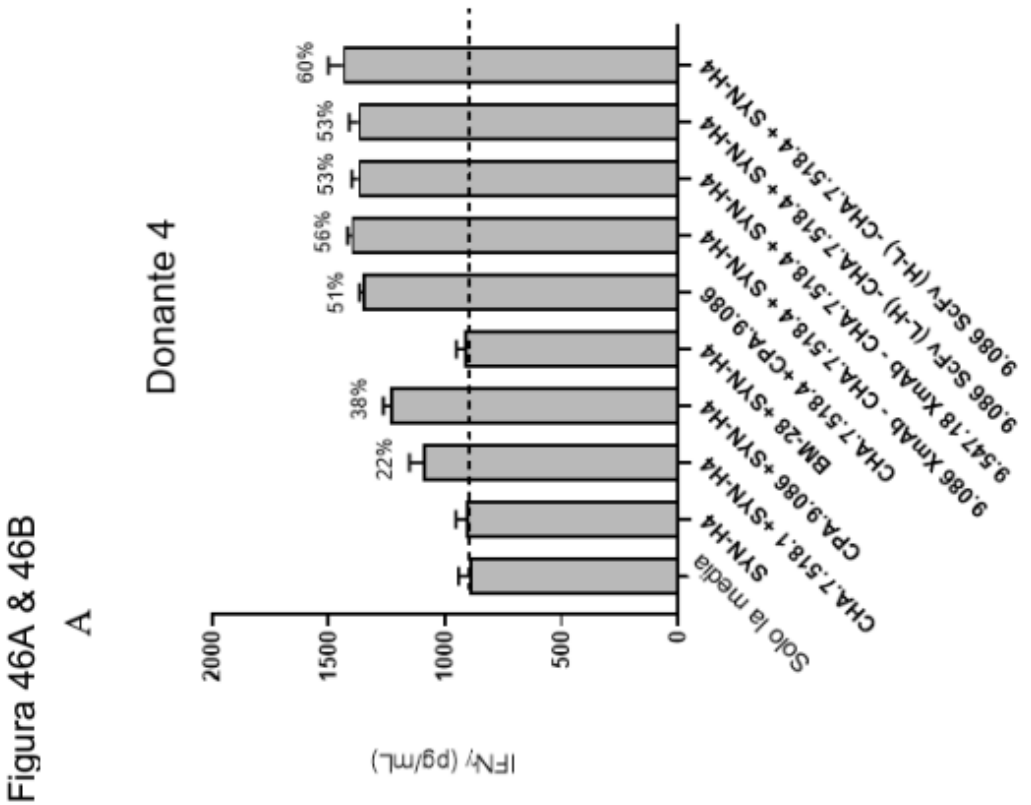
Variante 2: N208D **(solo formato Fab)** E233P F234V L235A G236del S267K Q295E L368D K370S N384D Q418E N421D

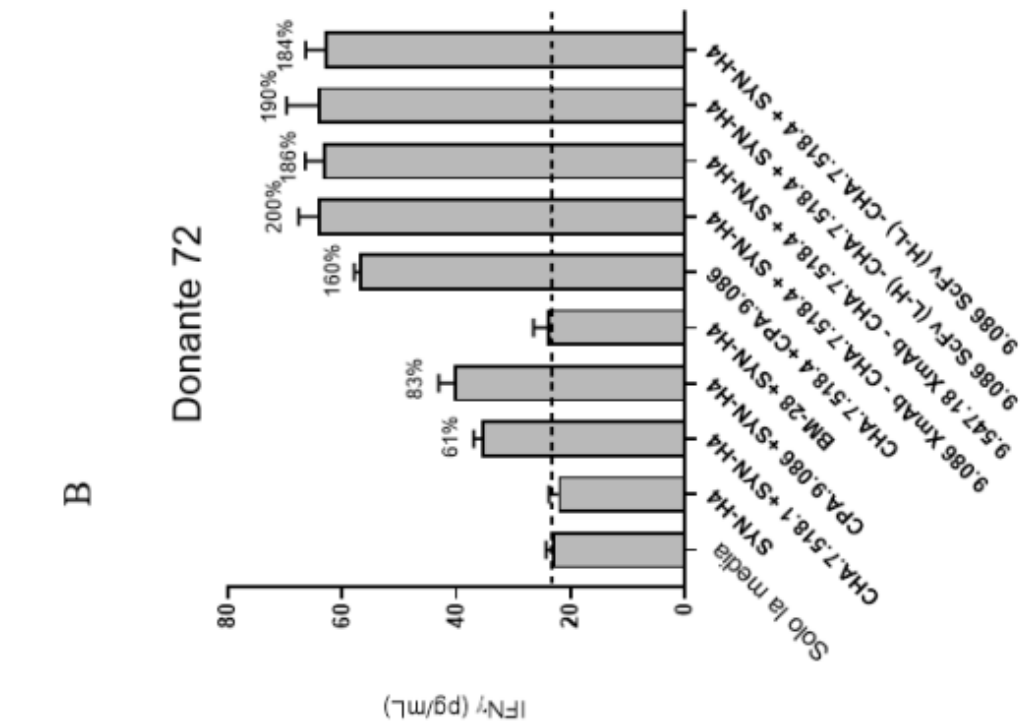
Mutaciones que ayudan con el silenciamiento de Fc (E233P L234V L235A G236del S267K) que se combinan con las mutaciones de heterodimerización

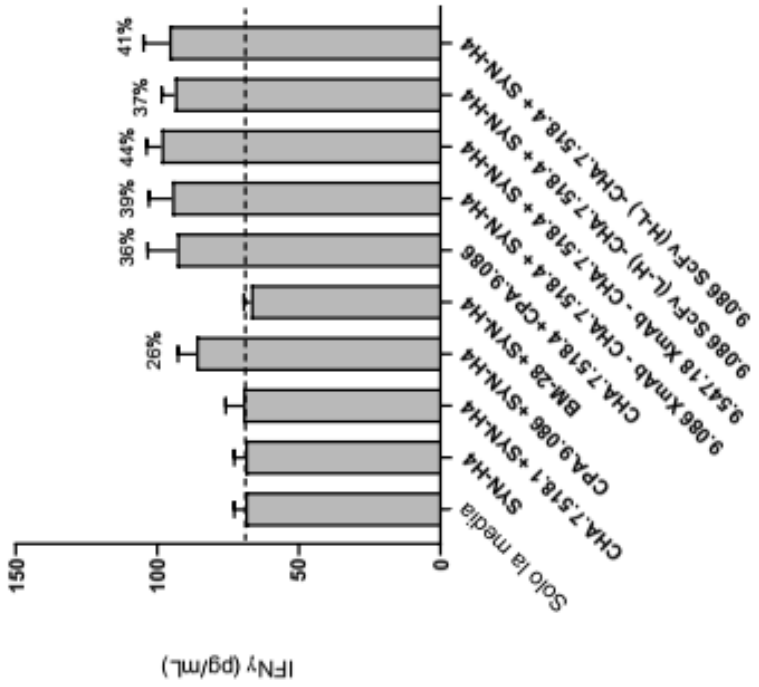
Figura 45

Constructo	Formato	Brazo 1	Brazo 2	SEC-UPLC Monómero (%)	Rendimiento final (mg/L)	SEC-UPCL final Monómero (%)	Corrección % (MS)
BsAb-1	KIH CrossMab	CHA.7.518.4-ojal	CHA.9.547.18-botón	89.52	45.6	98.3	31.7
BsAb-2	KIH CrossMab	CHA.7.518.4-ojal	CPA.9.086-botón	86.78	34.4	99.3	73.1
BsAb-3	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4-ojal	CPA.9.086-botón VL-VH	55.67	7.5	82.5	100
BsAb-4	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4-ojal	CPA.9.086-botón VH-VL	86.55	16.6	85.0	100
BsAb-13	IH "Abrebotellas"	CHA.9.547.18 scFv (VH-VL) var1	CHA.7.518.4 Fab var2	84.82	50.8	95.5	100
BsAb-14	IH "Abrebotellas"	CPA.9.086 scFv (VH-VL) var1	CHA.7.518.1 Fab var2	88.17	682.3	99.8	100
BsAb-18	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1 scFv (VL-VH) var1	CPA.9.086 Fab var2	76.15	67.3	94.4	100
BsAb-19	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4 scFv (VL-VH) var1	CHA.9.547.18 Fab var2	49.83	63.0	96.3	95
	mAb	CHA.7.518.1	CHA.7.518.1	ND	4983	96.2	ND
	mAb	CHA.7.518.4	CHA.7.518.4	96.65	452.0	97.1	ND
	mAb	CPA.9.086	CPA.9.086	82.01	896.6	99.4	ND
	mAb	CHA.9.547.18	CHA.9.547.18	98.26	116.0	97.9	ND
	ND- No determinado						

Figura 46A & 46B






Donante 210
IFNγ (pg/mL)
150
100
50
0
Solo la media
SYN-H4
CHA.7.518.1 +SYN-H4
CPA.9.086 +SYN-H4
BM.28 +SYN-H4
CHA.7.518.4 +CPA.9.086
9.086 Xmab - CHA.7.518.4 + SYN-H4
9.547.18 Xmab - CHA.7.518.4 + SYN-H4
9.086 ScFv (L-H) -CHA.7.518.4 + SYN-H4
9.086 ScFv (H-L) -CHA.7.518.4 + SYN-H4
26%
36%
39%
44%
37%
41%

C

Figura 46C

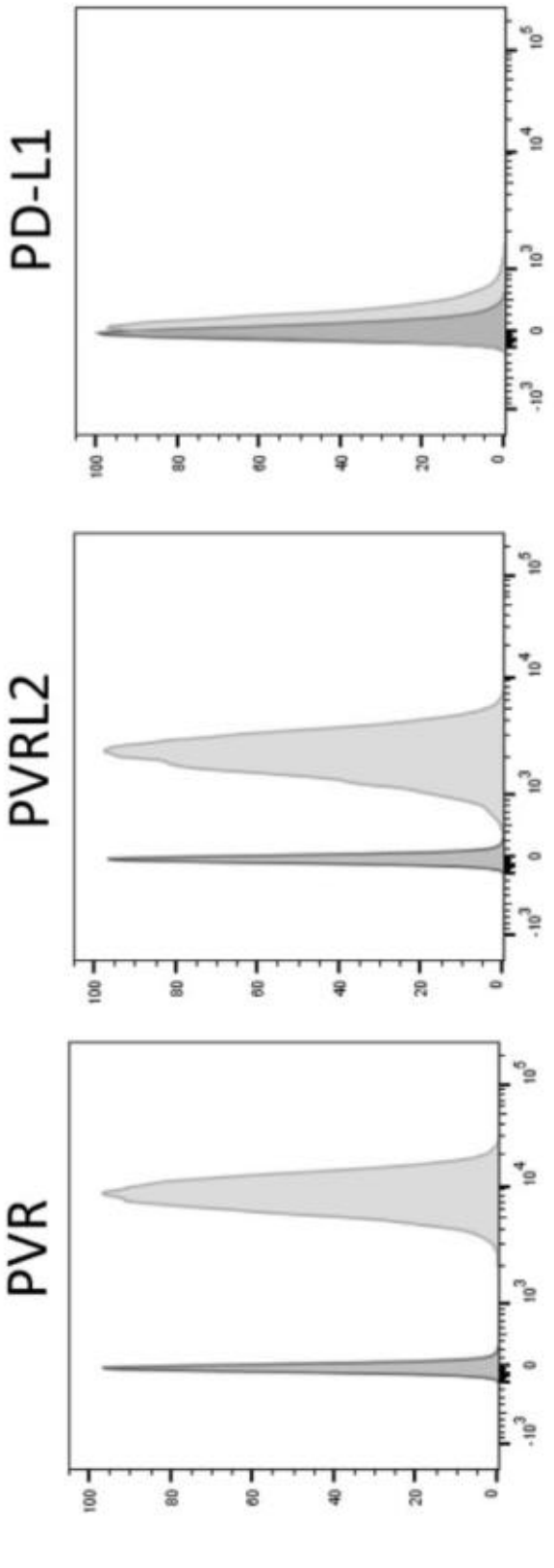


Figura 47

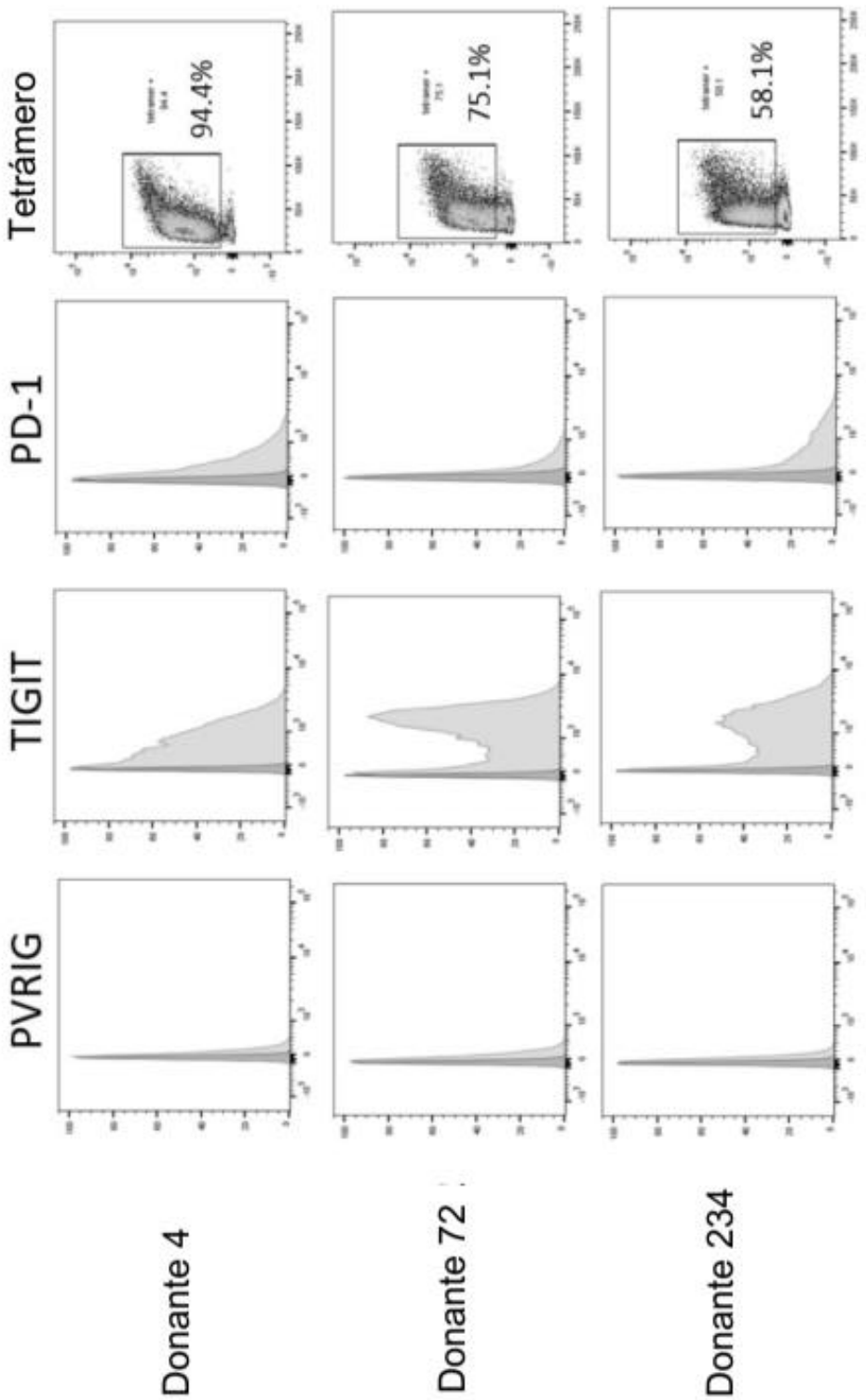
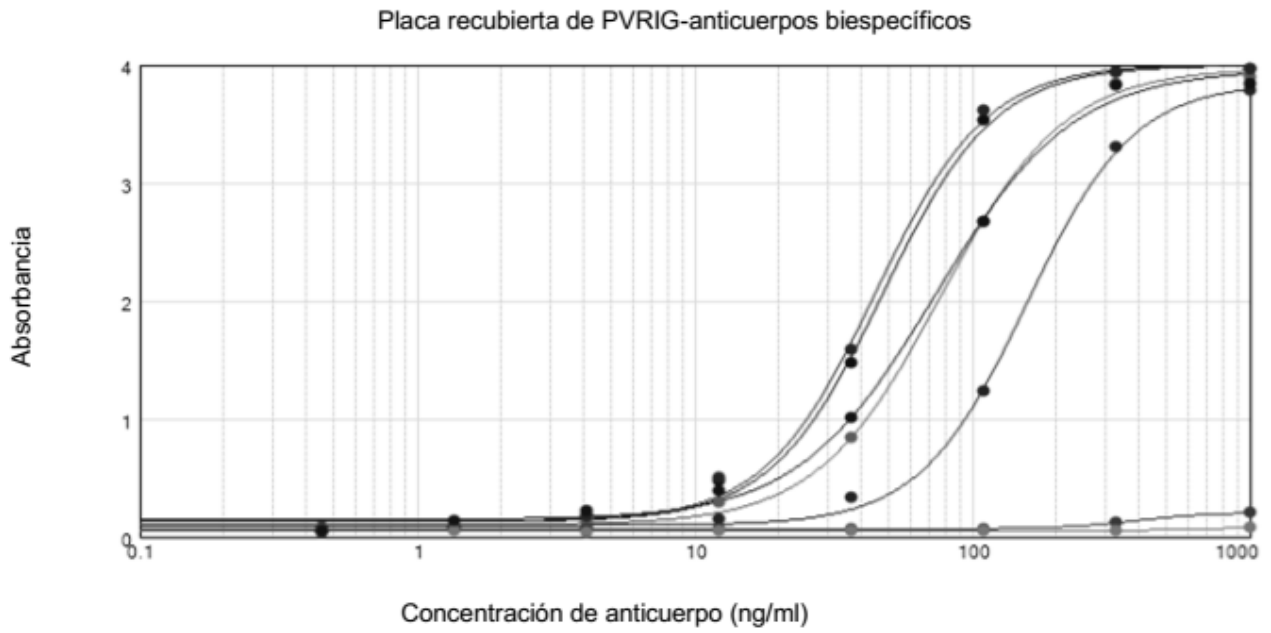

Tetrámero
PD-1
TIGIT
PVRIG
94.4%
75.1%
58.1%
Donante 4
Donante 72
Donante 234

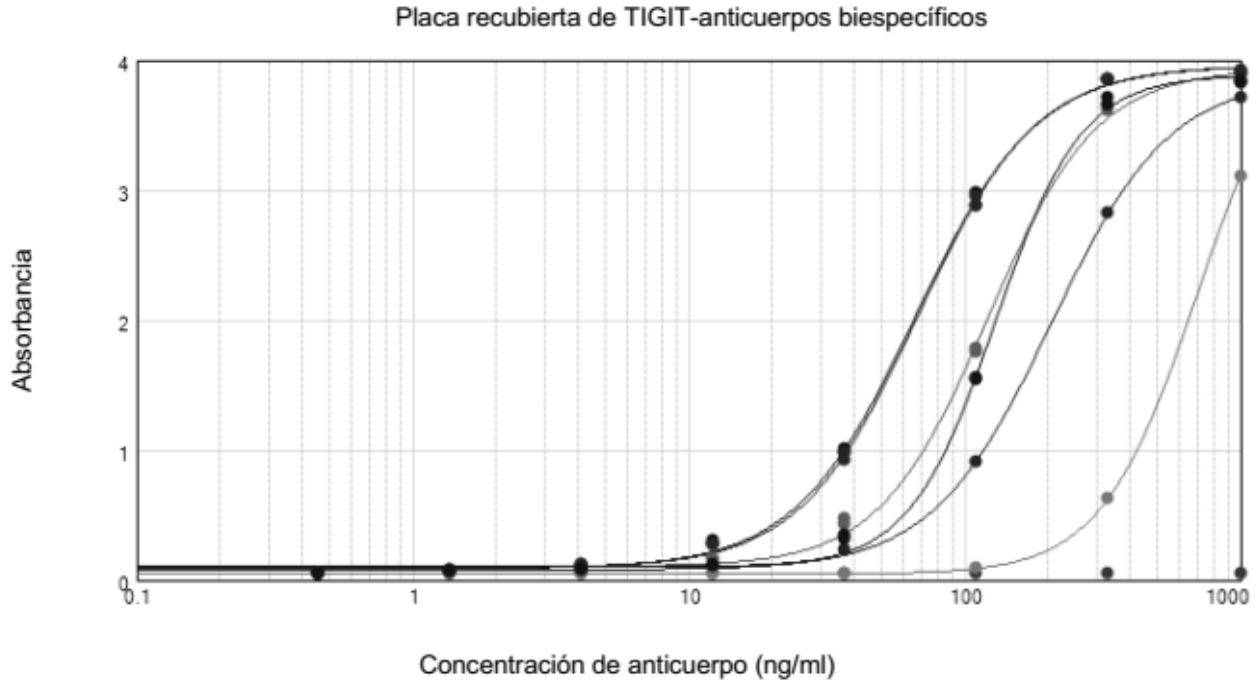
Figura 48

Figura 49



	Formato	Cadena 1	Cadena 2
Gráfico#1	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CHA.9.547.18-H4 CrossMab botón
Gráfico#2	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086-CrossMab H4 botón
Gráfico#3	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VL-VH)-H4 botón
Gráfico#4	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VH-VL)-H4 botón
Gráfico#5	mAb	CHA.7.518.1 H4	
Gráfico#6	mAb	CPA.9.086 H4	
Gráfico#7	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-CrossMab H4 botón	CPA.9.086-H4 ojal

Figura 50



	Formato	Cadena 1	Cadena 2
Gráfico#1	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CHA.9.547.18-H4 CrossMab botón
Gráfico#2	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086-CrossMab H4 botón
Gráfico#3	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VL-VH)-H4 botón
Gráfico#4	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VH-VL)-H4 botón
Gráfico#5	mAb	CHA.7.518.1 H4	
Gráfico#6	mAb	CPA.9.086 H4	
Gráfico#7	KIH CrossMab	CHA.7.518.1-CrossMab H4 botón	CPA.9.086-H4 ojal

Figura 51

	EC50 (pM)		EC50 corregido	
	Recubrimiento de PIVRIG	Recubrimiento de TIGIT	Recubrimiento de PIVRIG	Recubrimiento de TIGIT
CHA.9.547.18 Crossmab- CHA7.518.4 H4	1020	1380	377.4	510.6
CPA.9.086 Crossmab- CHA7.518.4 H4	513	813	380	601
CPA.9.086 scFv (VL-VH)-CHA7.518.1 H4	320	447	320	447
CPA.9.086 scFv (VH-VL)-CHA7.518.1 H4	301	453	301	453
CHA7.518.1 H4	ND	No unión	ND	No unión
CPA.9.086 H4	No unión	ND	No unión	ND
CPA.9.086 Crossmab- CHA7.518.1 H4	493	867	365	641
ND- No determinado				

Figura 52

	Formato	Cadena 1	Cadena 2	pI	pH7.4		pH6.0	
					Tm1	Tm2	Tm1	Tm2
BsAb-1	KIH CrossMab	CHA.7.518.4-H4 ojal	CHA.9.547.18-H4 CrossMab botón	7.99	60.1	71.2	60.5	70.9
BsAb-2	KIH CrossMab	CHA.7.518.4-H4 ojal	CPA.9.086-CrossMab H4 botón	7.45	54.9	72.2	56.4	72.7
BsAb-3	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VL-VH)-H4 botón	6.68	51.7	72.3	50.9	72.3
BsAb-4	KIH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4-H4 ojal	CPA.9.086 scFv (VH-VL)-H4 botón	6.68	53.3	72.3	53.3	72.3
BsAb-14	IH "Abrebotellas"	CHA.9.547.18 scFv (VH-VL) H4 var1	CHA.7.518.4 Fab H4 var2	7.01	54.0	70.3	53.5	71.2
BsAb-18	IH "Abrebotellas"	CPA.9.086 scFv (VH-VL) H4 var1	CHA.7.518.1 Fab H4 var2	6.56	54.5	71.4	54.3	71.4
BsAb-13	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.1 scFv (VL-VH) H4 var1	CPA.9.086 Fab H4 var2	6.68	60.4	ND	60.1	78.1
BsAb-19	IH "Abrebotellas"	CHA.7.518.4 scFv (VL-VH) H4 var1	CHA.9.547.18 Fab H4 var2	8.08	55.6	70.2	55.6	71.2
	mAb	CHA.7.518.1 H4		7.24	65.4	73.0	64.1	74.1
	mAb	CPA.9.086 H4		7.93	63.3	ND	62.4	ND
	mAb	Synagis H4		8.08	65.2	77.1	63.3	77.1
	mAb	CHA.9.547.18		8.36	66.2	70.8	64.4	73.2
	mAb	CHA.7.518.4		6.89	64.6	71.4	63.1	73.2
	ND- No determinado							

Figura 53A

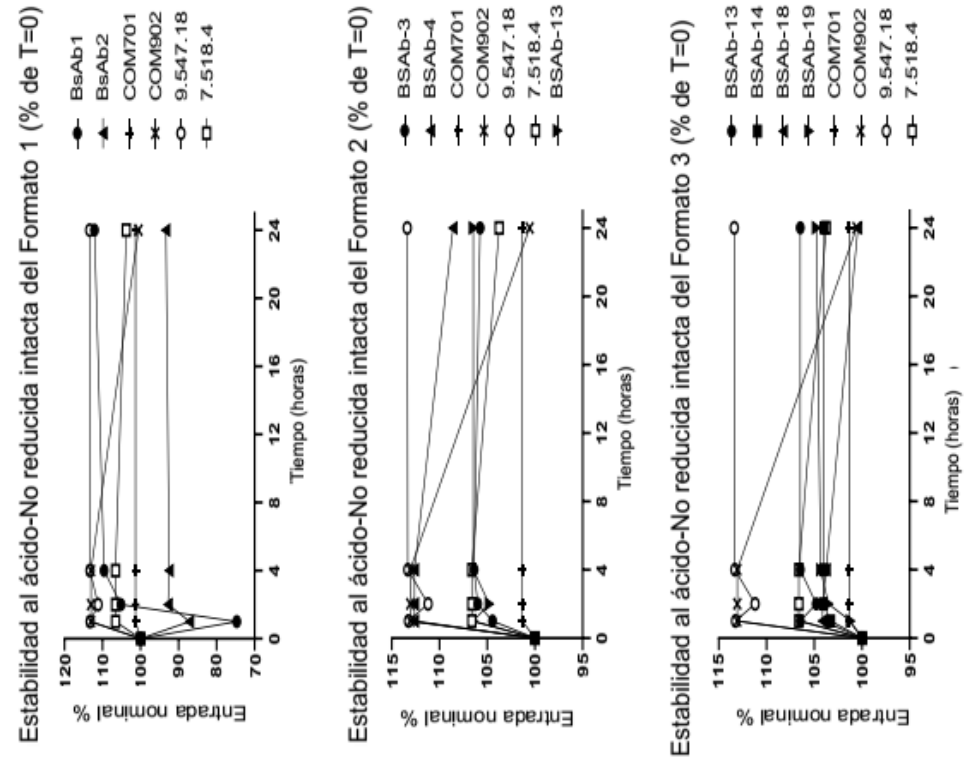

Estabilidad al ácido-No reducida intacta del Formato 1 (% de T=0)
BsAb1
BsAb2
COM701
COM902
9.547.18
7.518.4
Entrada nominal %
Tiempo (horas)
Estabilidad al ácido-No reducida intacta del Formato 2 (% de T=0)
BSAb-3
BSAb-4
COM701
COM902
9.547.18
7.518.4
BSAb-13
Entrada nominal %
Tiempo (horas)
Estabilidad al ácido-No reducida intacta del Formato 3 (% de T=0)
BSAb-13
BSAb-14
BSAb-18
BSAb-19
COM701
COM902
9.547.18
7.518.4
Entrada nominal %
Tiempo (horas)

Figura 53B

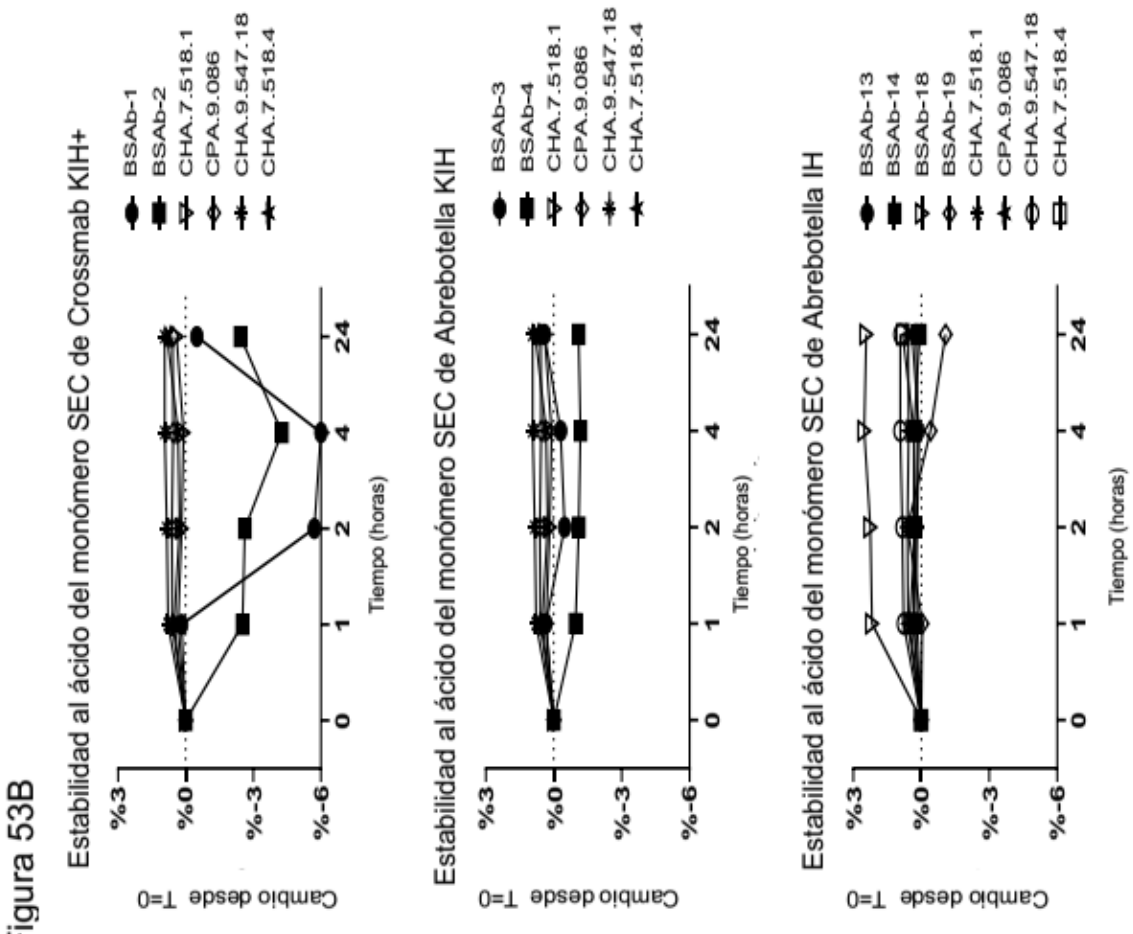
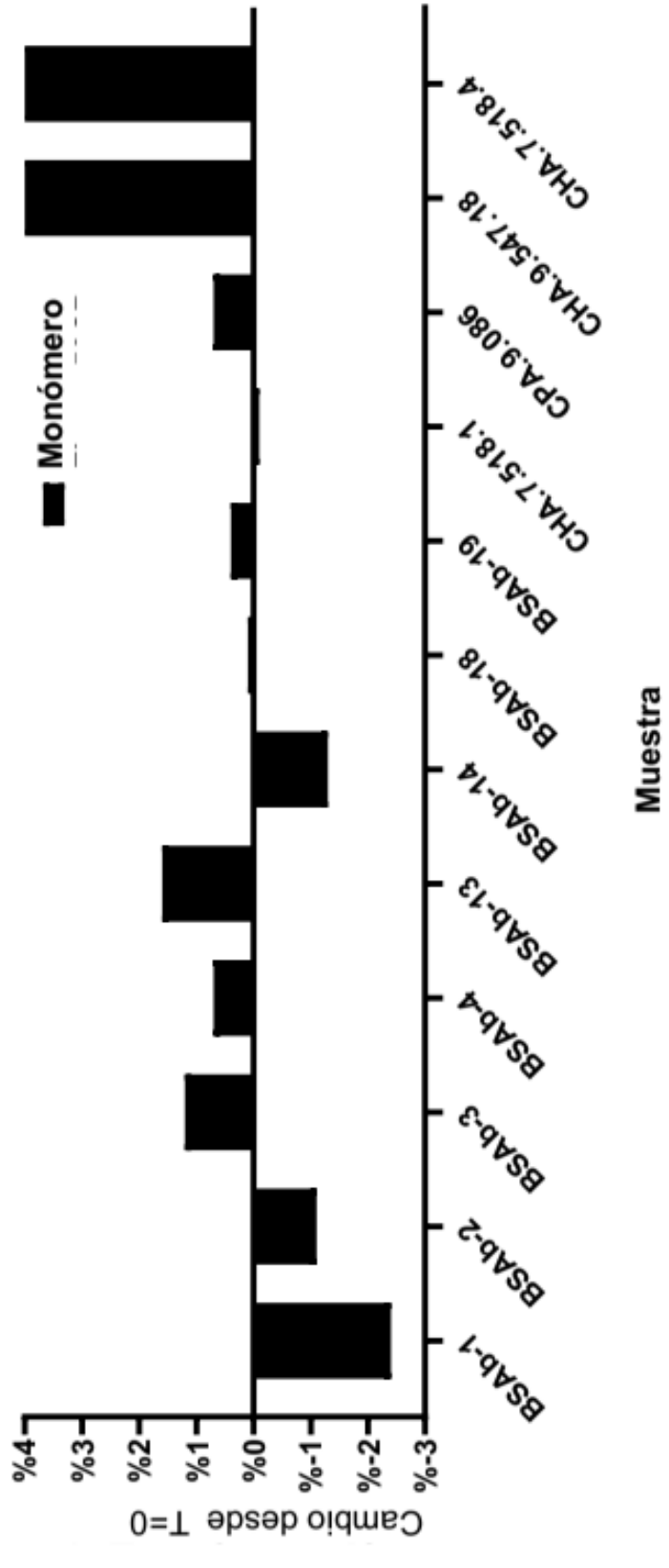

Estabilidad al ácido del monómero SEC de Crossmab KIH+
BSAb-1
BSAb-2
CHA.7.518.1
CPA.9.086
CHA.9.547.18
CHA.7.518.4
%3
%0
%-3
%-6
Cambio desde T=0
0
1
2
4
24
Tiempo (horas)
Estabilidad al ácido del monómero SEC de Abrebotella KIH
BSAb-3
BSAb-4
CHA.7.518.1
CPA.9.086
CHA.9.547.18
CHA.7.518.4
%3
%0
%-3
%-6
Cambio desde T=0
0
1
2
4
24
Tiempo (horas)
Estabilidad al ácido del monómero SEC de Abrebotella IH
BSAb-13
BSAb-14
BSAb-18
BSAb-19
CHA.7.518.1
CPA.9.086
CHA.9.547.18
CHA.7.518.4
%3
%0
%-3
%-6
Cambio desde T=0
0
1
2
4
24
Tiempo (horas)

Figura 53C


Estabilidad frente a congelación-descongelación: CE-SDS
Monómero
Cambio desde T=0
%4
%3
%2
%1
%0
%-1
%-2
%-3
BSAb-1
BSAb-2
BSAb-3
BSAb-4
BSAb-13
BSAb-14
BSAb-18
BSAb-19
CHA.7.518.1
CPA.9.086
CHA.9.547.18
CHA.7.518.4
Muestra

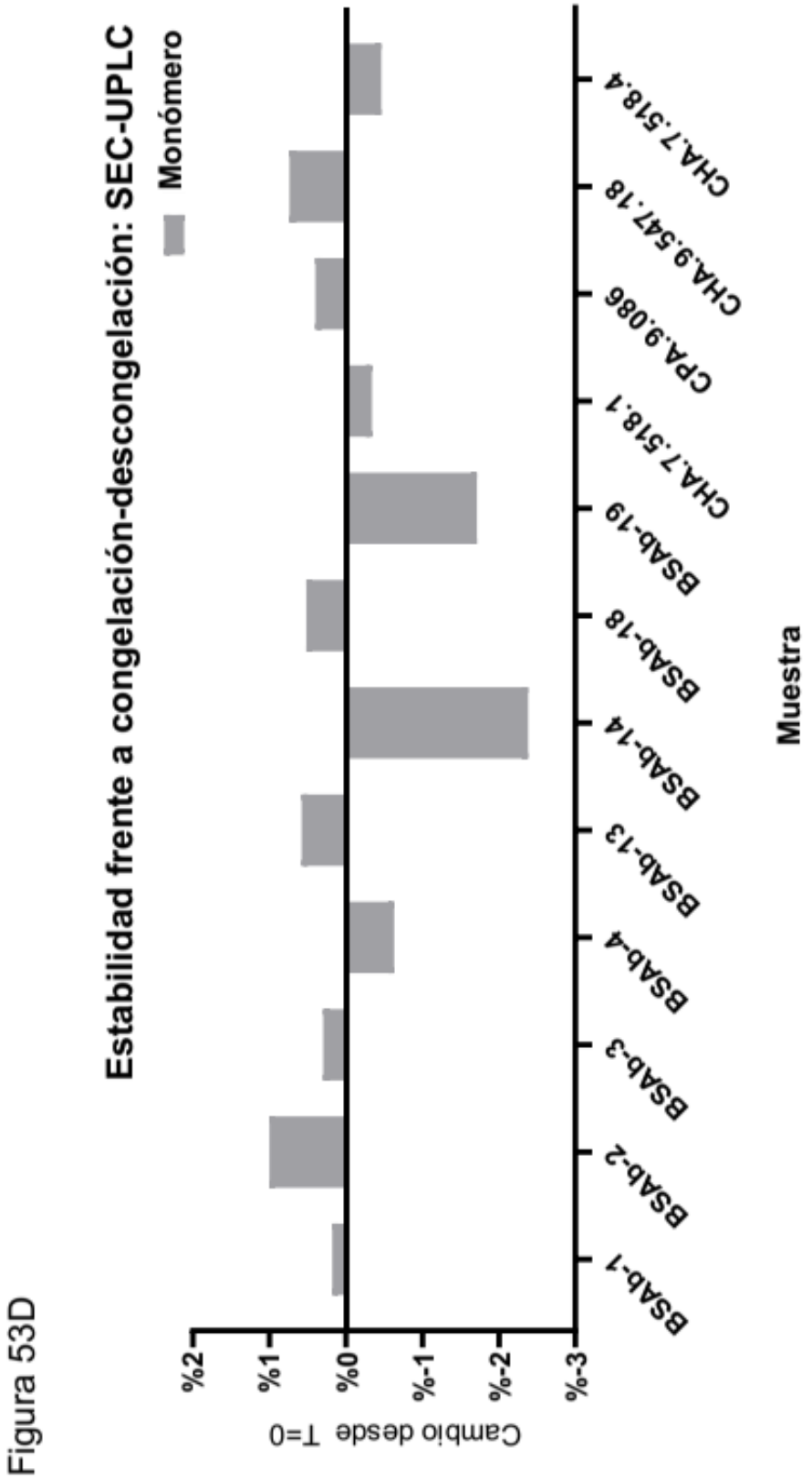
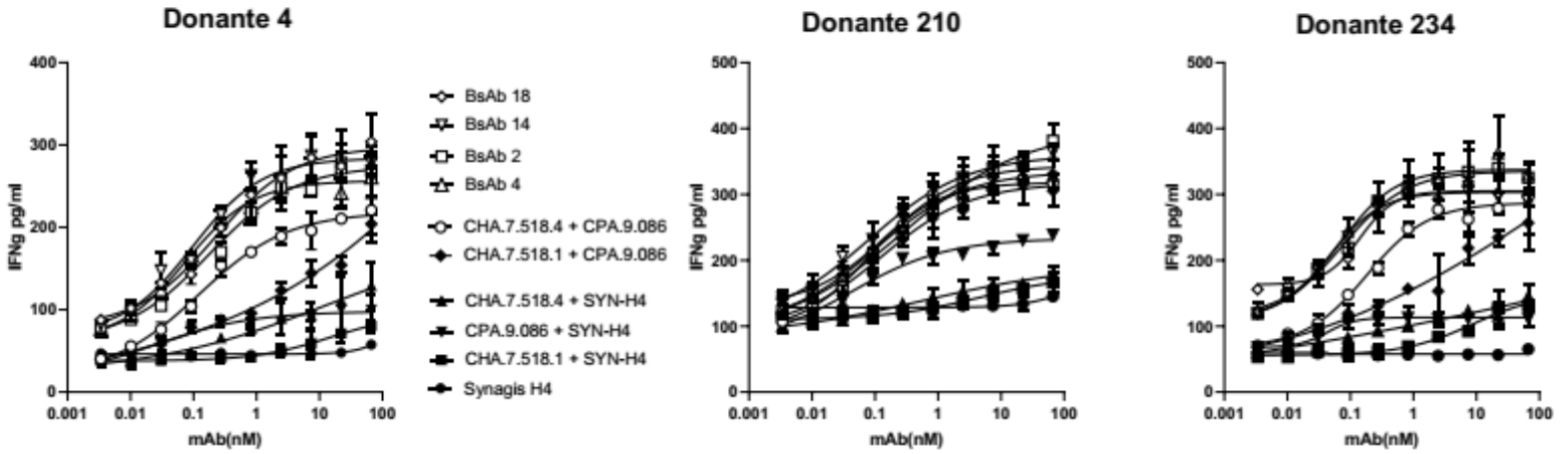

Estabilidad frente a congelación-descongelación: SEC-UPLC
Monómero
Cambio desde T=0
%2
%1
%0
%-1
%-2
%-3
BSAb-1
BSAb-2
BSAb-3
BSAb-4
BSAb-13
BSAb-14
BSAb-18
BSAb-19
CHA.7.518.1
CPA.9.086
CHA.9.547.18
CHA.7.518.4
Muestra

Figura 53D

Figura 54A



Tratamientos con anticuerpos	Liberación de INFγ máxima (pg/ml)	% de incremento de INFγ sobre isotipo	EC_{50}(nM)
SYN-H4	57.6	N/A	N/A
CHA.7.518.1+ SYN-H4	80.3	39.4%	14.4
CHA.7.518.4 + SYN-H4	128.7	123.4%	13.2
CPA.9.086 + SYN-H4	100.0	73.6%	0.0236
CHA.7.518.1 + CPA.9.086	204.2	254.5%	NC
CHA.7.518.4 + CPA.9.086	221.0	283.7%	0.124
BsAb 2	269.2	367.4%	0.179
BsAb 4	260.8	352.9%	0.0762
BsAb 14	277.7	382.2%	0.0977
BsAb 18	304.0	427.7%	0.222

Tratamientos con anticuerpos	Liberación de INFγ máxima (pg/ml)	% de incremento de INFγ sobre isotipo	EC_{50}(nM)
SYN-H4	145.3	N/A	N/A
CHA.7.518.1+ SYN-H4	166.3	14.5	4.71
CHA.7.518.4 + SYN-H4	179.5	23.5	0.589
CPA.9.086 + SYN-H4	238.9	64.5	0.0414
CHA.7.518.1 + CPA.9.086	305.5	110.3	0.127
CHA.7.518.4 + CPA.9.086	317.0	118.2	0.0791
BsAb 2	381.6	162.7	0.283
BsAb 4	329.1	126.5	0.100
BsAb 14	364.2	150.7	0.0789
BsAb 18	330.7	127.6	0.153

Tratamientos con anticuerpos	Liberación de INFγ máxima (pg/ml)	% de incremento de INFγ sobre isotipo	EC_{50}(nM)
SYN-H4	65.1	N/A	N/A
CHA.7.518.1+ SYN-H4	131.6	102.1	8.84
CHA.7.518.4 + SYN-H4	144.9	122.6	NC
CPA.9.086 + SYN-H4	111.6	71.4	0.0427
CHA.7.518.1 + CPA.9.086	256.8	294.5	NC
CHA.7.518.4 + CPA.9.086	297.4	356.8	0.182
BsAb 2	325.6	400.1	0.0739
BsAb 4	329.7	406.4	0.0699
BsAb 14	291.7	348.0	0.0471
BsAb 18	295.7	354.3	0.142

Figura 54B

	EC50 (nM)								
	Donante 4			Donante 210			Donante 234		
	N=1	N=2	Promedio	N=1	N=2	Promedio	N=1	N=2	Promedio
SYN-H4	N/A	N/A	**N/A**	N/A	N/A	**N/A**	N/A	N/A	**N/A**
CHA.7.518.1 + SYN-H4	14.4	25.6	**20**	4.71	46.2	**25.455**	8.84	5.71	**7.275**
CHA.7.518.4 + SYN-H4	13.2	0.744	**6.972**	0.589	0.286	**0.4375**	NC	0.496	**0.496**
CHA.9.086 + SYN-H4	0.0236	0.0372	**0.0304**	0.0414	0.0274	**0.0344**	0.0427	0.0132	**0.02795**
CHA.7.518.1 + CHA.9.086	NC	0.457	**0.457**	0.127	19.0	**9.5635**	NC	NC	**NC**
CHA.7.518.4 + CHA.9.086	0.124	0.0912	**0.1076**	0.0791	0.167	**0.12305**	0.182	0.162	**0.172**
BsAb2	0.179	0.171	**0.175**	0.283	NC	**0.283**	0.0739	0.0786	**0.07625**
BsAb4	0.0762	0.059	**0.0676**	0.1	0.0261	**0.06305**	0.0699	0.0245	**0.0472**
BsAb14	0.0977	0.285	**0.19135**	0.0789	0.091	**0.08495**	0.0471	0.146	**0.09655**
BsAb18	0.222	0.196	**0.209**	0.153	0.0686	**0.1108**	0.142	0.139	**0.1405**
N/A= No aplicable									
NC= No convergente									