

P- 2021/37376

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

E. S. D.

Re: Expediente No. **NC2022/0001817**

Solicitud de patente a nombre de **IMMUNEXT INC. y JANSSEN PHARMACEUTICALS, INC.**

Yo, CAROLINA DAZA MONTALVO identificada como aparece al pie de mi firma, domiciliada en la Carrera 11 No. 86-53, obrando como apoderada de las sociedades IMMUNEXT INC., y JANSSEN PHARMACEUTICALS, INC., domiciliadas en Estados Unidos de América, solicitantes de la patente de la referencia, en respuesta al oficio No. **18386** notificado electrónicamente el 15 de noviembre de 2022, relacionado con los requerimientos de fondo de la solicitud y para el cual oportunamente solicité prórroga el pasado 9 de febrero, atentamente me permito presentar la siguiente información:

1. Título

En primera medida, con respecto a la observación sobre la falta de relación del título con el objeto de la solicitud contenido en la descripción y las reivindicaciones, me permito señalar que es deseo del solicitante modificar el título siguiendo la amable recomendación realizada por el examinador, de modo que ahora se lee:

“ANTICUERPOS ANTI-VISTA HUMANO ANTAGONISTAS Y COMPOSICIONES QUE
LOS COMPRENDEN”

En vista de lo anterior, amablemente solicito que la objeción al respecto se dé por superada.

2. Modificación a la Solicitud

Con fundamento en la facultad que confiere el artículo 34 de la Decisión 486 al solicitante para modificar la solicitud de patente en cualquier momento del trámite,

presento junto a este memorial un nuevo capítulo reivindicatorio y un nuevo conjunto de figuras, los cuales reemplazan completamente los documentos presentados previamente. Específicamente, se realizaron las siguientes modificaciones:

2.1 Modificación a las reivindicaciones

Se presenta un capítulo reivindicatorio modificado conformado 14 reivindicaciones en donde:

- Se modificaron la reivindicación 1 limitando su alcance a las secuencias de las CDRs características del anticuerpo VSTB92 o INX908, definidas en el antiguo numeral (lv).
- Se modificó la reivindicación 2 de modo que ahora depende de la reivindicación 1 y se limita al únicamente a las secuencias de las V_H y V_L características del anticuerpo VSTB92 o INX908, definidas en el antiguo numeral (lv).

2.2 Modificación a las Figuras

Se presentan las nuevas figuras 1, 2, 4, 11 y 15 con el fin de mejorar la claridad de la información presentada y corregir errores materiales en las mismas, en particular, se señala que:

- Se presentan nuevas copias de las figuras 1, 2, 11 y 15 que cuentan con una mejor resolución.
- Se presenta una nueva Figura 4 en la que se incluyeron las secuencias correspondientes en los espacios que se refieren a las SEQ ID NO: 780 a 785 y se corrigió la numeración para eliminar la doble referencia a la SEQ ID NO: 664. Estas modificaciones encuentran soporte en el listado de secuencias presentado originalmente junto con la solicitud.

Las anteriores modificaciones no amplían de ninguna manera la materia objeto de la presente solicitud, y se realizan con el fin de definir la materia reclamada de forma clara y superar las objeciones planteadas por el examinador en su concepto técnico.

3. Claridad y concisión de las reivindicaciones

El solicitante manifiesta que mediante la presentación del nuevo capítulo reivindicatorio quedan subsanadas la totalidad de las objeciones presentadas por el examinador en su

concepto técnico, de modo tal que las nuevas reivindicaciones reclaman de manera clara y concisa la invención descrita. Con respecto a las objeciones específicas del examinador, me permito manifestar lo siguiente:

- 3.1** El examinador señala que las antiguas reivindicaciones 1 y 2 no serían concisas dado que son reivindicaciones independientes dirigidas al mismo objeto, esto es, a los mismos anticuerpos.

Frente a lo anterior, amablemente me permito señalar que la nueva reivindicación 2 es una reivindicación dependiente. Por lo tanto, la objeción al respecto ha sido superada.

- 3.2** El examinador menciona que las antiguas reivindicaciones 1, 2, 4 y 5 no estarían sustentadas en la descripción, toda vez que no estaría probada la obtención de anticuerpos antagonistas que comprenden un dominio constante de IgG3, IgG4, quimeras o que no comprendan ninguna región constante.

Con respecto a esta objeción, me permito resaltar mi desacuerdo con la opinión del examinador. Para ello, me permito referirme a lo mencionado en la Guía para examen de Solicitudes de Patente de Invención y Modelos de Utilidad de la Superintendencia de Industria y Comercio con respecto al uso de ejemplos en la descripción, en donde se menciona:

*"El examinador debe tener en cuenta todo el contenido de la descripción, en el momento de verificar si la invención reivindicada está soportada por la descripción. Además cuando la descripción divulga la mejor manera de llevar a cabo la invención, mediante ejemplos debe verificar **si con ellos se puede establecer la generalización de las reivindicaciones**, con base en la información suministrada en la descripción, y/o usando los métodos de rutina o análisis; en caso negativo el examinador debe concluir que las reivindicaciones no tienen soporte en la descripción, puede el examinador invitar al solicitante para que explique cómo con el contenido de la descripción puede la persona capacitada en la materia extender la invención al alcance reivindicado, de lo contrario el examinador debe invitar al solicitante para que restrinja la reivindicación"* (Énfasis añadido).

Visto lo anterior, es claro que el espíritu de la normativa vigente no es el de requerir que las reivindicaciones estén limitadas únicamente a los ejemplos presentados en la

descripción, sino que estos ejemplos sirvan como guía para que la persona normalmente versada en el campo técnico esté en capacidad de reproducir la invención.

En este sentido, el solicitante desea resaltar, en primer lugar, que las principales características esenciales de los anticuerpos reclamados son las secuencias de sus CDRs, las cuales están debidamente definidas en la reivindicación independiente y se encuentran completamente respaldadas por la información experimental contenida en la solicitud. En segundo lugar, si bien es cierto que la presente solicitud sólo ejemplifica anticuerpos antagonistas que comprenden una región Fc de IgG1 humana, la persona normalmente versada en la materia sabría que la incorporación de diferentes regiones Fc a anticuerpos antagonistas, sin que ello conlleve a la pérdida de actividad antagonista, es una técnica convencional en el campo de la solicitud. De este modo, las alternativas relacionadas con otras regiones Fc, están al alcance del concepto técnico desarrollado por el inventor.

Además, el solicitante quisiera señalar que el anterior argumento no pierde mérito por su descubierto sorprendente de que la incorporación de una región Fc de IgG2 convierte el anticuerpo reivindicado en un agonista de VISTA, toda vez que las reivindicaciones establecen específicamente que la región Fc **no puede** ser una región Fc de IgG2.

Así las cosas, es claro que las reivindicaciones se refieren a una razonable generalización de la materia ejemplificada, y, por lo tanto, el solicitante amablemente solicita que la objeción al respecto sea retirada.

3.3 Por último, el examinador menciona que la reivindicación 2 no sería clara porque el numeral (xxxiv) menciona que las secuencias SEQ ID NOs: 533, 534 y 535 como secuencias de una región variable de cadena ligera cuando dichas secuencias corresponden a CDRs de cadena ligera.

Al respecto, por favor tenga en cuenta que el numeral objetado no hace parte del capítulo reivindicatorio presentado junto a este memorial.

Por lo tanto, amablemente solicito que se retire dicha objeción.

En vista de lo anterior, las objeciones relacionadas con la claridad, la concisión y el soporte en la descripción del capítulo reivindicatorio, han quedado completamente superadas.

4. Descripción

El examinador indica que la descripción no divulga la materia reclamada de manera suficiente, clara y completa para que una persona normalmente versada en la materia pueda ejecutarla, por lo que no cumpliría con las disposiciones del Art. 28 de la Decisión Andina 486.

Específicamente, el examinador menciona que la descripción no presenta evidencia la obtención de anticuerpos que comprendan una región constante de IgG3, IgG4, quimeras o de anticuerpos que carecen de región constante, y que demuestren una actividad antagonista de VISTA. El examinador señala, además, que se presenta el desarrollo de anticuerpos IgG1 con actividad antagonista (Figura 4, Tabla 1).

Frente a lo anterior, me permito resaltar que, contrario a lo señalado por el examinador, la descripción de la solicitud si sustenta la materia reclamada.

Como se mencionó previamente, el solicitante reconoce que la descripción ejemplifica únicamente un anticuerpo antagonista que comprende una región Fc de IgG1 humana. No obstante, es pertinente reiterar que las disposiciones actuales en materia de patentes no establecen que la materia de las reivindicaciones deba estar limitada únicamente al objeto de los ejemplos, sino, más bien, que estos deben servir para ilustrar la invención y su funcionamiento.

De otro lado, el solicitante desea insistir en que la persona normalmente versada en la materia comprendería que la incorporación de diferentes regiones Fc a anticuerpos antagonistas (sin que ello implique la pérdida de actividad antagonista) es convencional en el campo de la invención.

Por lo tanto, a la luz de la información proporcionada en la descripción, sería razonable anticipar que diferentes regiones Fc cuando se unen a una región variable que comprende las CDR enunciadas o a los polipéptidos de cadena ligera y pesada variables permiten que la región variable del anticuerpo antagonista se una al receptor VISTA y, por lo tanto, bloquee la capacidad de dicho receptor para interactuar con los ligandos y, en consecuencia, provocar la función antagonista.

De otro lado, el solicitante se permite resaltar que este argumento no se ve desacreditado por el descubrimiento sorprendente sobre la incorporación de una región Fc de IgG2 que convierte el anticuerpo reivindicado en un agonista de VISTA, ya que

las reivindicaciones establecen específicamente que la región Fc **no** puede ser una región Fc de IgG2.

Por lo tanto, dado que la descripción si presenta proporciona la información necesaria para que la persona normalmente versada en la materia pueda comprender, ejecutar y reproducir la invención.

De este modo, respetuosamente solicito al examinador tener en cuenta los argumentos y aclaraciones para reevaluar el cumplimiento del Art. 28 de la Decisión Andina 486.

5. Dibujos

El examinador manifiesta que la solicitud no cumpliría con los requerimientos según el Artículo 28 de la Decisión 486, puesto que las figuras presentan baja resolución y algunas son ilegibles. En particular, el examinador indica que:

- Las figuras 1A, 1B, 1D, 2E, 2F, 4, 11 y 15 no permiten distinguir de forma clara la información representada.

Al respecto, el solicitante se permite resaltar que junto al presente memorial se presentan nuevas copias de las figuras 1, 2, 4, 11 y 15 las cuales presentan una resolución mejorada.

- La figura 4 tiene baja resolución entre las páginas 40 a 52, las SEQ ID NO: 780 a 785 no contienen las estructuras de las secuencias y se presentan dos CDRs diferentes numerados como SEQ ID NO: 664.

En este sentido, el solicitante manifiesta que en la nueva figura 4 se incluyeron las secuencias correspondientes a las SEQ ID NOs: 780 a 785, de acuerdo con el listado de secuencias originalmente presentado.

Además, en la Figura 4BB, se ha corregido el identificador de la secuencia QSLVHSNGNTY, de modo que ahora se establece que corresponde a la SEQ ID NO: 663, tal como se puede corroborar en el listado de secuencias originalmente presentado.

De esta manera, las objeciones planteadas por el examinador han sido superadas por medio de la presentación de las figuras modificadas adjuntas.

6. Unidad de Invención

El examinador manifiesta que la solicitud no cumpliría con los requerimientos de Unidad de Invención de acuerdo con el Artículo 25 de la Decisión 486, teniendo en cuenta que el concepto común, anticuerpos anti-VISTA humano antagonistas, se encontraría divulgado en el documento WO 2015/097536. De este modo, el examinador indica que la presente invención se refiere a 38 grupos inventivos distintos.

Con respecto a lo anterior me permito reiterar que las reivindicaciones presentadas junto a este memorial se encuentran drásticamente limitadas en su alcance. En particular, la nueva reivindicación 1 se ha limitado a anticuerpos que comprenden las CDR o regiones variables del anticuerpo identificado en esta solicitud como VSTB92 o INX908.

De este modo, las nuevas reivindicaciones se refieren a un único concepto inventivo que no había sido revelado previamente en los documentos del arte previo, y, por lo tanto, la solicitud cumple con los requerimientos según el Artículo 25 de la Decisión 486.

Por tanto, respetuosamente solicito que se retire la objeción a este respecto.

7. Nivel inventivo

El examinador establece en su concepto técnico que las antiguas reivindicaciones 1 a 14 presentadas no cumplirían con el requisito de nivel inventivo a la luz de las enseñanzas del documento D1 (WO 2015/097536).

Con respecto a lo anterior, me permito resaltar las disposiciones del artículo 18 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, que establecen que “se *considerará que la invención tiene nivel inventivo, si para una persona del oficio normalmente versada en la materia técnica correspondiente, esa invención no hubiese resultado obvia ni se hubiese derivado de manera evidente del estado de la técnica*”.

Lo anterior significa que el análisis de nivel inventivo **NO** es una comparación de los objetos de las anterioridades y la solicitud en estudio. Por el contrario, el análisis de nivel inventivo **debe demostrar** la obviedad de la invención y establecer cómo ésta **no** contiene un salto cualitativo, que represente su altura inventiva, es decir, se hace

necesario demostrar que la invención analizada carece de nivel inventivo y hubiese sido obvia para una persona versada en la materia.

Ahora bien, dichas condiciones no se cumplen para el caso en cuestión, pues, tal como se mostrará más adelante, las enseñanzas del estado de la técnica representadas en el documento D1, no permiten anticipar o derivar la invención con todas sus características técnicas, y, por lo tanto, la materia reclamada es inventiva a la luz del arte previo.

El objeto de las nuevas reivindicaciones y sus diferencias con D1

Como se explicó anteriormente, las reivindicaciones presentadas junto a este memorial se centran en un anticuerpo anti-VISTA antagonista que comprende las CDR o polipéptidos de región variable de cadena ligera y pesada del anticuerpo anti-VISTA al que se hace referencia en la descripción como VSTB92 o INX908.

Si bien el Solicitante reconoce que D1 contiene la Tabla 10, en donde se mencionan varios anticuerpos anti-VISTA por nombre, no hay información específica en D1 que enseñe o sugiera un anticuerpo anti-VISTA que comprenda las CDRS o los polipéptidos de regiones variables de cadena pesada y ligera como se definen en las nuevas reivindicaciones. En particular, la divulgación D1 no divulga la combinación de secuencias de CDR específicas o de los polipéptidos de regiones variables de cadena ligera y pesada requerido por todas las reivindicaciones actuales.

La simple mención de dicho anticuerpo por su nombre no proporcionaría la información relevante ya que esta (designación de anticuerpos VSTB en la Tabla 10 de D1) es una nomenclatura de anticuerpos patentada que no tendría significado para un experto en la técnica en ausencia de:

- (i) una referencia a las secuencias específicas de dicho anticuerpo, o
- (ii) la referencia a una fuente, por ejemplo, un depositario público del que se puede obtener dicho anticuerpo o una línea celular que produce dicho anticuerpo.

Sin embargo, D1 no contiene ninguna de tales revelaciones. De hecho, los únicos anticuerpos para los que se describen las secuencias de las CDR y/o regiones variables en D1 son los de VSTB50, VSTB53, VSTB60, VSTB95, VSTB112 y VSTB116.

Por lo tanto, el Solicitante asevera que las reivindicaciones son novedosas sobre la divulgación de D1.

Sobre el efecto técnico de los compuestos reclamados

Ahora bien, el examinador señala que la solicitud carece de evidencia que demuestre que los anticuerpos anti-VISTA reclamados posean alguna ventaja sobre cualquiera de VSTB50, VSTB53, VSTB60, VSTB95, VSTB112 y VSTB116, toda vez que D1 demuestra que estos anticuerpos inducen la actividad antagonista de VISTA potenciando la respuesta inmunitaria celular en el ensayo de reacción mixta de linfocitos (MLR) y la producción de citoquinas. en el ensayo de activación de enterotoxina B estafilocócica (Ejemplos 9 y 15).

Al respecto, el solicitante se permite nuevamente señalar que las reivindicaciones presentadas junto a este memorial se centran en un anticuerpo anti-VISTA que comprende las CDR o regiones variables que el anticuerpo identificado en esta solicitud como VSTB92 o INX908. De este modo, dado que no existe ninguna divulgación o siquiera algún indicio sobre dichas características estructurales específicas, el anticuerpo reivindicado y sus propiedades inherentes no habrían podido ser sugeridas en D1.

Además, es importante tener en cuenta que la solicitud contiene evidencia experimental que da cuenta del carácter inventivo del anticuerpo reivindicado, como se verá a continuación.

1. Como se describe en la Tabla 1, la presente solicitud enseña que el anticuerpo anti-VISTA reivindicado se une a VISTA con una afinidad de unión picomolar, es decir, se une a VISTA humano con una KD de $9,34 \times 10^{-11}$ (Ver Tabla 1).
2. Esta solicitud proporciona específicamente evidencia de que INX908 se une fuertemente a imitadores de epítomos lineales y conformacionales específicos de VISTA humano. (Véanse las líneas 9 a 26 de la página 255 de la descripción).
3. Tal como lo reconoce el Examinador, esta solicitud divulga que un anticuerpo anti-VISTA según lo reivindicado, es decir, que comprende las CDR o regiones variables de INX908, funciona como un antagonista de VISTA cuando se asocia con una región Fc de IgG1.

4. La presente solicitud enseña que el anticuerpo anti-VISTA reivindicado estuvo entre los más inmunosupresores cuando se asoció con una región Fc de IgG2 en comparación con los otros anticuerpos probados, es decir, provocó una potente inmunosupresión en diferentes modelos *in vitro* e *in vivo*. (Ver, por ejemplo, líneas 18 a 27 de la página 40; líneas 3 a 12 de la página 94; desde la línea 21 de la página 251 hasta la línea 3 de la página 252; y la Tabla 1 de la descripción).
5. La presente solicitud enseña que un anticuerpo anti-VISTA que comprende las CDR y/o las regiones variables reivindicadas, cuando se asocia con una región Fc de IgG2, suprime potentemente el TNF-alfa y la IL-2, cuyas citoquinas son lectores conocidos en cuanto a la potencia de los antagonistas de VISTA, es decir, los anticuerpos antagonistas de VISTA efectivos mejoran la expresión de estas citoquinas al bloquear los efectos supresores de VISTA sobre su expresión. (Ver, por ejemplo, líneas 18 a 27 de la página 40; líneas 3 a 12 de la página 94; desde la línea 21 de la página 251 hasta la línea 3 de la página 252; y la Tabla 1 de la descripción).

De este modo, los potentes efectos agonistas de INX908 (cuando se asocia con una región Fc de IgG2) requieren, al menos, que dicho anticuerpo se una de manera efectiva a las células inmunitarias que expresan VISTA y aquellas células inmunitarias que inducen efectos sobre la inmunidad mediados por VISTA, por ejemplo, células mieloides, tales como monocitos, macrófagos, eosinófilos, neutrófilos, mastocitos, basófilos y granulocitos.

Por lo tanto, la solicitud proporciona evidencia funcional indirecta de que el anticuerpo en cuestión se une funcional y ávidamente a un epítipo de VISTA que se expresa en células inmunitarias, cuyas células inmunitarias provocan los efectos de VISTA en la inmunidad humana. Con base en esta evidencia en su conjunto, es razonable concluir que un anticuerpo reivindicado, es decir, un anticuerpo anti-VISTA que comprende las CDR o regiones variables reivindicadas, cuando se asocia con una región Fc que no es IgG2, funcionará como un antagonista superior de VISTA y, por lo tanto, debería ser adecuado para el tratamiento de afecciones tales como el cáncer y las afecciones infecciosas en las que se desea terapéuticamente la supresión de los efectos inmunosupresores de VISTA.

Teniendo en cuenta lo anteriormente expuesto, queda claro que las características técnicas, tanto estructurales como funcionales, de la materia definida en el capítulo

reivindicatorio presentado junto al presente memorial no se derivan de manera obvia o evidente de las enseñanzas de D1. Por lo tanto, el objeto reclamado cumple con el requisito de Nivel inventivo establecido en el Art. 18 de la Decisión 486.

8. Conclusión

Con las modificaciones introducidas y los argumentos presentados puede concluirse que:

- i. El nuevo título de la solicitud es claro y se relaciona con el objeto reclamado, cumpliendo así con el literal d) del artículo 27 de la Decisión 486 de 2000;
- ii. El nuevo pliego reivindicatorio se ajusta a las disposiciones del Artículo 34 de la Decisión 486/00;
- iii. La presente invención se relaciona con un único concepto inventivo, cumpliendo así con los requerimientos del Artículo 25 de la Decisión 486;
- iv. La invención de la presente solicitud no resulta obvia ni se derivada de manera evidente del estado de la técnica, cumpliendo así con los requerimientos del Artículo 18 de la Decisión 486.

Por tanto, atentamente me permito solicitar a ese Despacho otorgar el privilegio de patente solicitado a la solicitud en estudio, toda vez que cumple a cabalidad con los requerimientos de la Decisión 486 de 2000.

Asimismo, respetuosamente solicito a ese Despacho pronunciarse en relación con todos los argumentos presentados en este memorial dando estricta aplicación al principio del debido proceso consagrado en el artículo 29 de la Constitución Nacional.

9. Pago de Tasas

Considerando que el presente memorial se presenta junto con modificaciones a las reivindicaciones, se adjunta recibo por concepto de pago de tasa de modificación a la solicitud, según lo establecido en la **Resolución 59669 de 2020**.

Ahora, en relación con el número de reivindicaciones, atentamente me permito resaltar que junto a la presente respuesta no se realiza el pago de la tasa por concepto de reivindicaciones adicionales, toda vez que el nuevo capítulo reivindicatorio tiene el mismo número de cláusulas que el presentado y estudiado anteriormente por su despacho.

10. Anexos

- Nuevo capítulo reivindicatorio conformado por catorce (14) reivindicaciones.
- Recibo de pago por concepto de modificación a las reivindicaciones.

Señora Directora,


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

REIVINDICACIONES

- 1.** Un anticuerpo o fragmento de anticuerpo anti-VISTA humana antagonista caracterizado porque comprende las CDRs V_H de SEQ ID NO: 740, 741 y 742 y las CDRs V_L de SEQ ID NO: 743, 744 y 745, y en donde el anticuerpo comprende un dominio constante humano seleccionado de IgG1, IgG3 y IgG4 o una quimera de cualquiera de los anteriores, o no comprende ninguna región constante humana.
- 2.** Un anticuerpo o fragmento de anticuerpo anti-VISTA humana antagonista de acuerdo con la reivindicación 1 caracterizado porque comprende el polipéptido V_H de SEQ ID NO: 746 y el polipéptido V_L de SEQ ID NO: 748; y en donde el anticuerpo comprende un dominio constante humano seleccionado de IgG1, IgG3 y IgG4 o una quimera de cualquiera de los anteriores, o no comprende ninguna región constante humana.
- 3.** El anticuerpo o fragmento de anticuerpo según la reivindicación 1 o 2, caracterizado porque el fragmento de anticuerpo comprende o es un fragmento de anticuerpo Fab, F(ab')₂ o scFv.
- 4.** El anticuerpo o fragmento de anticuerpo según la reivindicación 1, caracterizado porque el anticuerpo comprende una región Fc de IgG1, IgG3 o IgG4 humana.
- 5.** El anticuerpo o fragmento de anticuerpo según la reivindicación 2, caracterizado porque el anticuerpo comprende una región Fc de IgG1, IgG3 o IgG4 humana.
- 6.** El anticuerpo antagonista según la reivindicación 4, caracterizado porque dicha región Fc está mutada para alterar una función efectora.

- 7.** El anticuerpo antagonista según la reivindicación 5, caracterizado porque dicha región Fc está mutada para alterar una función efectora.
- 8.** El anticuerpo antagonista según la reivindicación 4, caracterizado porque dicha región Fc está mutada para alterar la unión de FcR o la unión del complemento.
- 9.** El anticuerpo antagonista según la reivindicación 5, caracterizado porque dicha región Fc está mutada para alterar la unión de FcR o la unión del complemento.
- 10.** El anticuerpo antagonista o fragmento de anticuerpo según la reivindicación 1, caracterizado porque es quimérico, humano o humanizado.
- 11.** El anticuerpo antagonista o fragmento de anticuerpo según la reivindicación 2, caracterizado porque es quimérico, humano o humanizado.
- 12.** El anticuerpo antagonista o fragmento de anticuerpo de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-11, caracterizado porque el anticuerpo anti-VISTA humano o fragmento del mismo comprende una afinidad o K_D por VISTA humana que es 50 nM o menos según se determina mediante resonancia de plasmón superficial a 37 °C.
- 13.** El anticuerpo antagonista o fragmento de anticuerpo de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-11, caracterizado porque el anticuerpo anti-VISTA humano o fragmento del mismo comprende una afinidad o K_D por VISTA humana que es 1 nM o menos según se determina por resonancia de plasmón superficial a 37 °C.

- 14.** Una composición farmacéutica caracterizada porque comprende al menos un anticuerpo antagonista o un fragmento de anticuerpo de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-13.

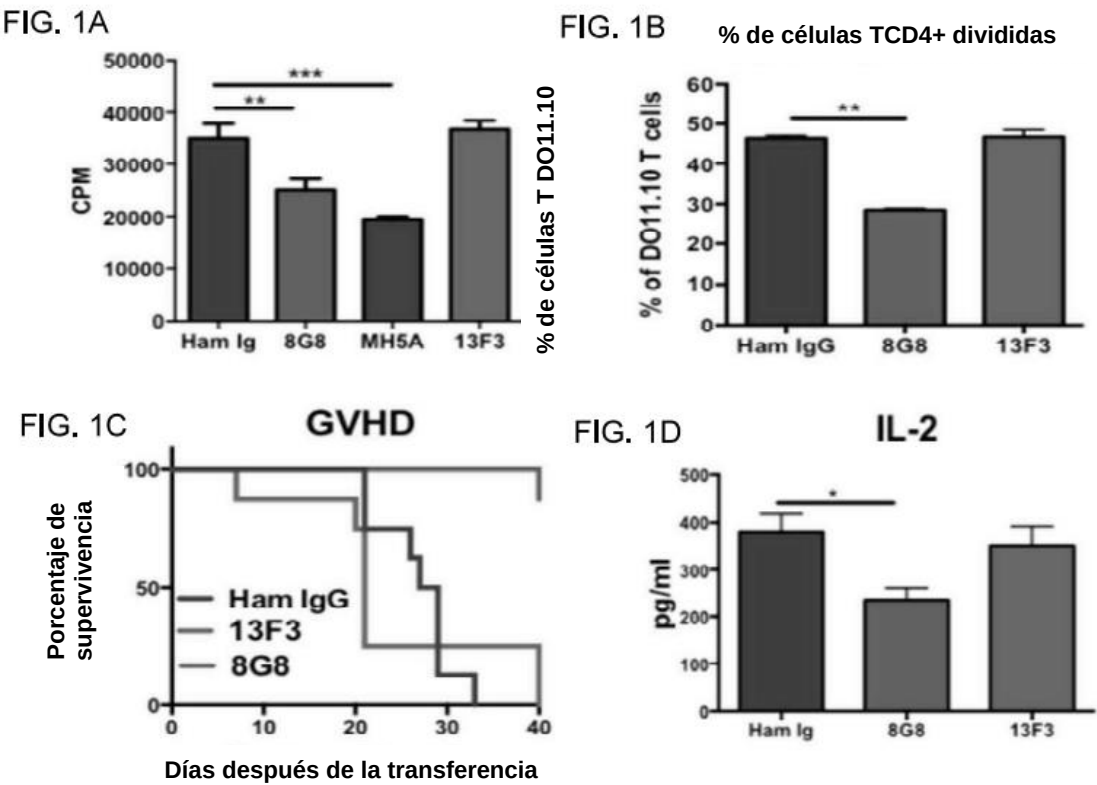


Figura 1. Ensayos de tamizaje in vitro e in vivo que se pueden usar para identificar mAb VISTA supresores

FIG. 2A

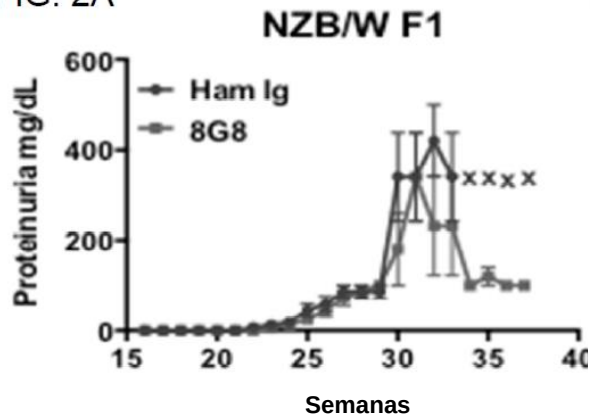


FIG. 2B

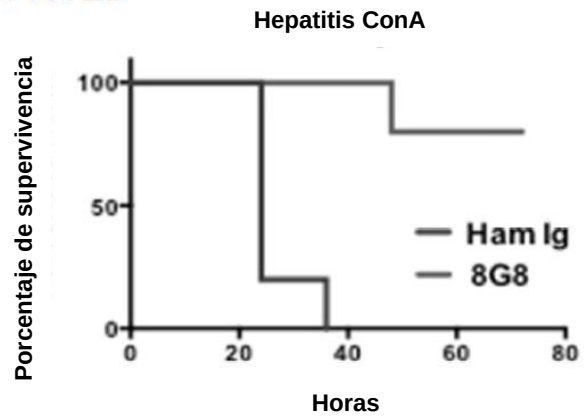


FIG. 2C

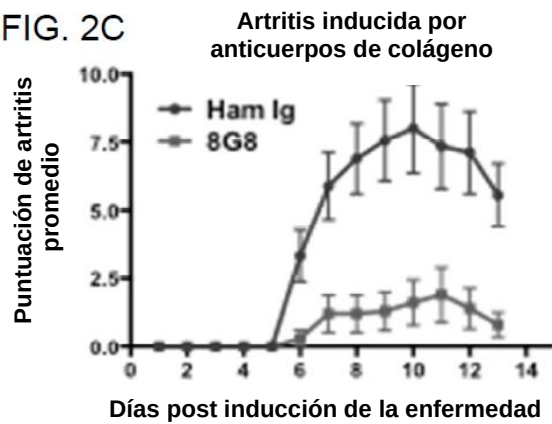


FIG. 2D

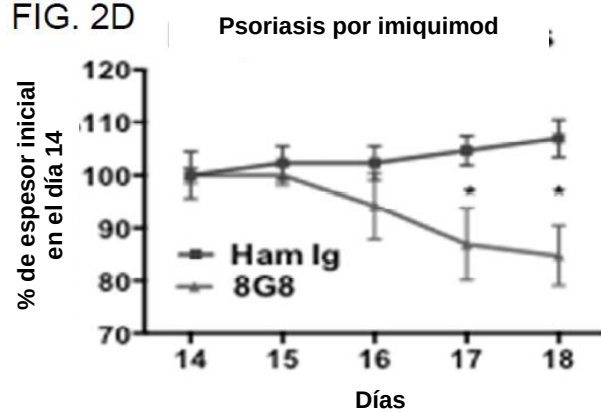


FIG. 2E

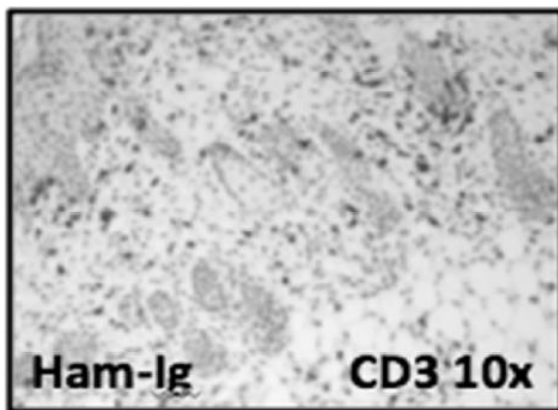


FIG. 2F

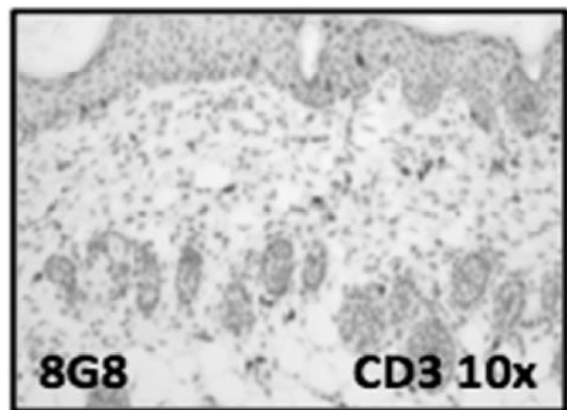


Figura 2. VISTA suprime múltiples modelos de enfermedad autoinmune.

FIGURA4A

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epitopo/ grupo Epitopo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
GA1	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTLTDYN (SEQ ID NO:100)	INLNIAIT (SEQ ID NO:101)	ARGGYRYT YYAMDY (SEQ ID NO:102)	ENIYSN (SEQ ID NO:103)	AAT (SEQ ID NO:104)	QHFWG TPRT (SEQ ID NO:105)	EVQLQQFGAELVKPGA SVKISCKASGYTLTDYN MDWVKQSHGKSLEWI GHINLNIAITTYNQKFK GKATLTVDKSSSTAYM ELRSLTSEDATVYYCA RGGYRYTYYYAMDYWG QGTSVTVSS (SEQ ID NO:106)	AKTTPPSVYPLAPGSAAQTNS MVTGLCLVKGYFPEPVTVTW NSGSLSSGVHTFPAVLQSDLY TLSSSVTPSPSTWPSETVTCN VAHPASSTKVVDKIVPRDCGC KPCICTVPEVSSVFIFPPKPKD VLTITLTPKVTVCVVDISKDDP EVQFSWFVDDVEVHTAQTQP REEQFNSTFRSVSELPIMHQD WLNKGKFCRVNSAAFPAPIE KTISKTKLNPKS (SEQ ID NO:107)	DIQMTQSPASLSVSV GETVTITCRASENIYS NLAWYQQKQKGKSPQ LLVYAATNLADGVPS RFSGSGSGTQYSLKI NSLQSEDFGSYYCQ HFWGTPRTFGGGTK LEIK (SEQ ID NO:108)	RADAAPTVSIFP PSSEQLTSGGA SVVCFLLNNFYPK DINVKWKIDGSE RQNGVLNSWTD QDSKSDYSTSMS STLTLTKDEYER HNSYTCETHKT STSPIVKSFNRN EC (SEQ ID NO:109)
GA1-IgG2	IgG2/kappa mutado Humano	LLDSGLY CCLVVEIR HHH SEHRVH	GYTLTDYN (SEQ ID NO:110)	INLNIAIT (SEQ ID NO:111)	ARGGYRYT YYAMDY (SEQ ID NO:112)	ENIYSN (SEQ ID NO:113)	AAT (SEQ ID NO:114)	QHFWG TPRT (SEQ ID NO:115)	EVQLQQFGAELVKPGA SVKISCKASGYTLTDYN MDWVKQSHGKSLEWI GHINLNIAITTYNQKFK GKATLTVDKSSSTAYM ELRSLTSEDATVYYCA RGGYRYTYYYAMDYWG QGTSVTVSS (SEQ ID NO:116)	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSE TAALGCLVKDYFPEPVTVSWN SGALTSGVHTFPAVLQSSGLY SLSSSVTPSPSNFGTQTYTCN VDHKPSNTKVVDKVERKCCV ECPGPCAPPVAGPSVFLFPPK PKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVQFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQFNSTFRVSVLTV VHQDWLNGKEYCKVSNKGL PAPIEKTISKTKGQPREPQVYT LPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPYSDIAVEWESNGQPENNY KTTTPMLDSDGSFFLYSKLTV DKSRRWQQGNVFCSSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:117)	DIQMTQSPASLSVSV GETVTITCRASENIYS NLAWYQQKQKGKSPQ LLVYAATNLADGVPS RFSGSGSGTQYSLKI NSLQSEDFGSYYCQ HFWGTPRTFGGGTK LEIK (SEQ ID NO:118)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYPR EAKVQWKVDNA LQSGNSQESVT EQDSKDSYSLS STLTLKADYK HKVYACEVTHQ GLSSPVTKSFNR GEC (SEQ ID NO:119)
GG8	IgG1/? de ratón	LLDSGLY CCLVVEIR HHHSEHR VH;GHDV TFYKTWY RSSRG EVQTC	GYSFTGYT (SEQ ID NO:120)	INPYNG GI (SEQ ID NO:121)	ARRTLRPY FFDY (SEQ ID NO:122)	QSVSTST FS (SEQ ID NO:123)	YAS (SEQ ID NO:124)	QHSWEI PYT (SEQ ID NO:125)	EVQLQQSGPELVKPGT SMKISCKASGYSTGY TMNWVRQSHGKNLEW IGLINPYNGGINYNQKF KARATLTVDKSSSTAY MELLSLTSEDSAVYYC ARRTLRLRPYFFDYWGQ GTTLTVSS (SEQ ID NO:126)	EVQLQQSGPELVKPGTSMKIS CKASGYSTGYTMNWVRQSH GKNLEWIGLINPYNGGINYNQ KFKARATLTVDKSSSTAYMEL LSLTSEDSAVYYCARRTLRLP YFFDYWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO:127)	DIVLTQSPASLAVSL GQRATISCRASQSVS TSTFSYMHWWYQQKP GQPPKLLIKYASNLE SGVPARFSGSGSGT DFTLNIHPVEEEDTA TYCQHSWEIPYTFG GGTKEIK (SEQ ID NO:128)	DIVLTQSPASLA VSLGQRATISCR ASQSVSTSTFSY MHWWYQQKPGQ PPKLLIKYASNLE SGVPARFSGSGS GGTDLNIHPV EEDTATYYCQ HSWEIPYTFGG GGTKEIK (SEQ ID NO:129)

FIGURA4B

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epitopo/ grupo Epitopo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
GG8-IgG2	HumanIgG2/ kappa	LLDSGLY CCLVVEIR HHHSEHR VH; GHDVTFY KTWYRSS RG EVQTC	GYSFTGYT (SEQ ID NO:130)	INPYNG GI (SEQ ID NO:131)	ARRTLRPY FFDY (SEQ ID NO:132)	QSVSTST FSY (SEQ ID NO:133)	YAS (SEQ ID NO:134)	QHSWEI PYT (SEQ ID NO:135)	EVQLQQSGPELVKPGT SMKISCKASGYSFTGY TMNWWRQSHGKNLEW IGLINPYNGGINYNQKF KARATLTVDKSSSTAY MELLSLTSEDSAVYYC ARRTLRPYFFDYWGQ GTTLTVSS (SEQ ID NO:136)	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSES TAALGCLVKDYFPEPVTVSWN SGALTSGVHTFPAVLQSSGLY SLSSVTVPPSSNFGTQTYTCN VDHKPSNTKVDKTVERKCCV ECPPCPAPPVAGPSVFLFPPK PKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVQFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQFNSTFRVSVLTV VHQDWLNGKEYCKVSNKGL PAPIEKTISKTKGQPREPQVYT LPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNY KTTTPMLDSDGSFFLYSKLTV DKSRWQQGNVFCFSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:137)	DIVLTQSPASLAVSL GQRATISCRASQSVS TSTFSYMHWWYQQKP GQPPKLLIKYASNLE SGVPARFSGSGSGT DFTLNHPVEEEDTA TYCCQHSWEIPYTFG GGTKLEIK (SEQ ID NO:138)	RTVAAPSVFIFPP SDEQLKSGTASV VCLLNNFYPREA KVQWKVDNALQ SGNSQESVTEQD SKDSTYSLSTLT LSKADYEKHKVY ACEVTHQGLSSP VTKSFNRGEC (SEQ ID NO:139)
IE8	IgG1/? de ratón	LLDSGLY CCLVVEIR	GFDFSRYW (SEQ ID NO:140)	VYPDSS TI (SEQ ID NO:141)	ARGRGDY (SEQ ID NO:142)	GNIHNY (SEQ ID NO:143)	NAK (SEQ ID NO:144)	QNFWS TPFT (SEQ ID NO:145)	EVKLLESGGGLVQPGG SLKLSCAASGDFFSRY WMSWVRQAPGKGLE WIGEVYDSSSTINYTPS LKDKFIISRDNAKNTLYL QMIKVRSEDTALYYCA RGRGDYWGQTSVTV SS (SEQ ID NO:146)	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSES TAALGCLVKDYFPEPVTVSWN SGALTSGVHTFPAVLQSSGLY SLSSVTVPPSSNFGTQTYTCN VDHKPSNTKVDKTVERKCCV ECPPCPAPPVAGPSVFLFPPK PKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVQFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQFNSTFRVSVLTV VHQDWLNGKEYCKVSNKGL PAPIEKTISKTKGQPREPQVYT LPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNY KTTTPMLDSDGSFFLYSKLTV DKSRWQQGNVFCFSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:147)	DIQMTQSPASLSASV GETVTITCRASGNIH NYLSWYHQKQKSP QLLVYNAKTLADGVP SRFSGSGSGTQYSL KINSLQPEDFGSYIC QNFWSPTFTFGSGT KLEIK (SEQ ID NO:148)	RTVAAPSVFIFPP SDEQLKSGTASV VCLLNNFYPREA KVQWKVDNALQ SGNSQESVTEQD SKDSTYSLSTLT LSKADYEKHKVY ACEVTHQGLSSP VTKSFNRGEC (SEQ ID NO:149)

FIGURA4C

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
IE8-IgG2	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFDFSR YW (SEQ ID NO:150)	VYPDSS TI (SEQ ID NO:151)	ARGRGD Y (SEQ ID NO:152)	GNIHNY (SEQ ID NO:153)	NAK (SEQ ID NO:154)	QNFWS TPFT (SEQ ID NO:155)	EVKLLS GGGGLVQPG GSLKLS CAASGFDFS RYWMSWVRQAPGKG LEWIGEVYPDSSTINY TPSLKDKFIISRDN NTLYLQMIKVRSEDTA LYYCARGRGDYWGQ GTSVTVSS (SEQ ID NO:156)	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSE STAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQS SGLYSLSSVTVPSNFGTQ TYTCNV DHKPSNTKV DKT ERKCCVECP PCAPPVAGP SVFLFPPKPKDTLMISRTPE VTCVVDVSHEDPEVQFNW YVDGVEVHNAKTKPREEQF NSTFRVSVLTVVHQDWLN GKEYKCKVSNKGLPAPIEKTI SKTKGQPREPQVYTLPPSR EEMTKNQVSLTCLVKGFY SDIAVEWESNGQPENNYKT TPPMLDSDGSFFLYSKLTVD KSRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSPGK (SEQ ID NO:157)	DIQMTQSPASLSAS VGETVTITCRASGNI HNYLSWYHQKQGK SPQLLVYNAKTLAD GVPSRFSGSGSGTQ YSLKINS LQPEDFGS YYCQNFWS TPFTFG SGTKLEIK (SEQ ID NO:158)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDT YLSSTLTLSKA DYEKKVYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:159)
IE8-IgG2-C127 S	IgG2/kappa mutado Humano	LLDSGLYC CLVVEIR	GFDFSR YW (SEQ ID NO:160)	VYPDSS TI (SEQ ID NO:161)	ARGRGD Y (SEQ ID NO:162)	GNIHNY (SEQ ID NO:163)	NAK (SEQ ID NO:164)	QNFWS TPFT (SEQ ID NO:165)	EVKLLS GGGGLVQPG GSLKLS CAASGFDFS RYWMSWVRQAPGKG LEWIGEVYPDSSTINY TPSLKDKFIISRDN NTLYLQMIKVRSEDTA LYYCARGRGDYWGQ GTSVTVSS (SEQ ID NO:166)	ASTKGPSVFPLAPSSRSTSE STAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQS SGLYSLSSVTVPSNFGTQ TYTCNV DHKPSNTKV DKT ERKCCVECP PCAPPVAGP SVFLFPPKPKDTLMISRTPE VTCVVDVSHEDPEVQFNW YVDGVEVHNAKTKPREEQF NSTFRVSVLTVVHQDWLN GKEYKCKVSNKGLPAPIEKTI SKTKGQPREPQVYTLPPSR EEMTKNQVSLTCLVKGFY SDIAVEWESNGQPENNYKT TPPMLDSDGSFFLYSKLTVD KSRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSPGK (SEQ ID NO:167)	DIQMTQSPASLSAS VGETVTITCRASGNI HNYLSWYHQKQGK SPQLLVYNAKTLAD GVPSRFSGSGSGTQ YSLKINS LQPEDFGS YYCQNFWS TPFTFG SGTKLEIK (SEQ ID NO:168)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDT YLSSTLTLSKA DYEKKVYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:169)

FIGURA4D

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B100	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYSFTS YW (SEQ ID NO:170)	IYPGDSD T (SEQ ID NO:171)	ARDVSS FYGYSP MFDY (SEQ ID NO:172)	QSVSSY (SEQ ID NO:173)	DAS (SEQ ID NO:174)	QQRSN WPLT (SEQ ID NO:175)	EVQLVQSGAEVK KPGESLKISCKGS GYSFTSYWIGWV RQMPGKGLEWM GIYPGDS DTRY S PSFQGQVTISADK SISTAYLQWSSLK ASDTAMY YCARD VSSFYGYSPMFD YWGQGT LVT VSS (SEQ ID NO:176)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG GTAALGCLVKDYFPEPTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQS SGLYSLSSV VTPSSSLGTQ TYICNVNHKPSNTKVDKKVE PKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQ YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPS DIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN HYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:177)	EIVLTQSPATLSLSP GERATLSCRASQSV SSYLAWYQQKPGQ APRLLIYDASNRT GIPARFSGSGSDTD FTLTISSELPEDFAV YYCQQRSNWPLTF GGGTKVEIK (SEQ ID NO:178)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY P REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:179)
VST B101	IgG2/kappa mutado Humano	VSTB101 Grupo 1	GYSFTS YW (SEQ ID NO:180)	IYPGDSD T (SEQ ID NO:181)	ARDAHS FYGYSA LLDY (SEQ ID NO:182)	QSVSSS Y (SEQ ID NO:183)	GAS (SEQ ID NO:184)	QQYGSS PLT (SEQ ID NO:185)	EVQLVQSGAEVK KPGESLKISCKGS GYSFTSYWIGWV RQMPGKGLEWM GIYPGDS DTRY S PSFQGQVTISADK SISTAYLQWSSLK ASDTAMY YCARD AHSFYGYSA LLD YWGQGT LVT VSS (SEQ ID NO:186)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG GTAALGCLVKDYFPEPTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQS SGLYSLSSV VTPSSSLGTQ TYICNVNHKPSNTKVDKKVE PKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQ YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPS DIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN HYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:187)	EIVLTQSPGTLSLSP GERATLSCRASQSV SSYLAWYQQKPG QAPRLLIYGASSRA TGIPDRFSGSGSGT DFTLTISRLEPEDFA VYYCQQYGSSPLTF GGGTKVEIK (SEQ ID NO:188)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY P REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:189)

FIGURA4E

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítopo/ grupo Epítopo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B102	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYSFTS YW (SEQID NO:190)	IYPGDSD T (SEQID NO:191)	ARDSYS FYGHTP VLDY(SEQID NO:192)	QSVSSS Y (SEQID NO:193)	GAS (SEQID NO:194)	QQYGSS PLT (SEQ ID NO:195)	EVQLVQSGAEVK KPGESLKISCKGS GYSFTSYWIGWV RQMPGKGLEWM GIYPGDS DTRYSPSFQGQVTISADK SISTAYLQWSSLK ASDTAMYYCARD SYSFYGH T PVL D YWGQGT LVT VSS (SEQ ID NO:196)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG GTAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSGGLYSLSSVVPSSSLGTQ TYICNVNHKPSNTKVDKKVE PKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQ YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPS DIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDS DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:197)	EIVLTQSPGTLSSLSP GERATLSCRASQSV SSSYLAWYQQKPG QAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGT DFTLTISRLEPEDFA VYYCQQYGSSPLTF GQGTKVEIK (SEQ ID NO:198)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY P REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSK ADYEKHKVYAC EVTHQGLSSPV TKSFNRGEC (SEQ ID NO:199)
VST B103 INX9 04	IgG2/kappa mutado Humano	VSTB101 Grupo 1	GYSFTS YW (SEQID NO:200)	IYPGDSD T (SEQID NO:201)	ARDDAL YGGYYL DY(SEQID NO:202)	QSVLYS SNNKNY (SEQID NO:203)	WAS (SEQID NO:204)	QQYYST PLT (SEQID NO:205)	EVQLVQSGAEVK KPGESLKISCKGS GYSFTSYWIGWV RQMPGKGLEWM GIYPGDS DTRYSPSFQGQVTISADK SISTAYLQWSSLK ASDTAMYYCARD DALYGGYYLDYW GQGT LVT VSS (SEQ ID NO:206)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG GTAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSGGLYSLSSVVPSSSLGTQ TYICNVNHKPSNTKVDKKVE PKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQ YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPS DIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDS DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:207)	DIVMTQSPDSLAVS LGERATINCKSSQS VLYSSNNKNYLAWY QQKPGQPPKLLIYW ASTRESGVDRFS GSGSGTDFTLTISSL QAEDVAVYYCQQY YSTPLTFGQGT KVE IK ((SEQ ID NO:208)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY P REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSK ADYEKHKVYAC EVTHQGLSSPV TKSFNRGEC (SEQID NO:209)

FIGURA4F

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B104	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYSFTS YW (SEQ ID NO:210)	IYPGDSDT (SEQID NO:211)	ARDANS FYSAASIFDY (SEQ ID NO:212)	QSVLYS SNNKNY (SEQ ID NO:213)	WAS (SEQ ID NO:214)	QQYYST PLT (SEQ ID NO:215)	EVQLVQSGAEVK KPGESLKISCKGS GYSFTSYWIGWV RQMPGKGLEWM GIYPGDS DTRYSPSFQGGVTISADK SISTAYLQWSSLK ASDTAMYYCARD ANSFYSAASIFDY WGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:216)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG GTAALGCLVKDYFPEPTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSGGLYSLSSVVPSSSLGTQ TYICNVNHKPSNTKVDKKVE PKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQ YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPS DIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:217)	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDFRFGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQY YSTPLTFGGQGTKVEIK (SEQ ID NO:218)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSITYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:219)
VST B105	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:220)	IPIFGTA (SEQID NO:221)	ARSSYG WSYEFDY (SEQID NO:222)	QSIATN (SEQID NO:223)	AAS (SEQID NO:224)	QQNDDR PIT (SEQID NO:225)	QVQLVQSGAEVK KPGSSVKVSCKA SGGTFSSYAISWVRQAPGGGLEWMGGIIPIFGTANYAQKFQGRVTITADESTSTAYMELSSLRSEDVAVYYCARSSYGWSYEFDYWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:226)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG GTAALGCLVKDYFPEPTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSGGLYSLSSVVPSSSLGTQ TYICNVNHKPSNTKVDKKVE PKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFN WYVDGVEVHNAKTKPREEQ YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPS DIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSGDSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK ((SEQ ID NO:227)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVITITCRASQSIATNLNWKYQQKPGKAPKLLIYAASLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQNDDRPITFGQGKVEIK (SEQ ID NO:228)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSITYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:229)

FIGURA4G

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B106 INX9 15	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:230)	IPIFGTA (SEQID NO:231)	ARSSYG WSYEFD Y (SEQ ID NO:232)	QSIRTD ((SEQID NO:233)	SAS (SEQID NO:234)	QQNERT PIT (SEQID NO:235)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSED TAVYY CARSSYGWSYEFD YWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:236)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:237)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSI RTDLNWIYQQKPGKAPKLLIYSASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQNERTPITFGQGTKVEIK (SEQ ID NO:238)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:239)
VST B107 INX9 16	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:240)	IPIFGTA (SEQID NO:241)	ARSSYG WSYEFD Y (SEQID NO:242)	QSINND (SEQID NO:243)	AAS (SEQID NO:244)	QQNRAT PIT (SEQID NO:245)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSED TAVYY CARSSYGWSYEFD YWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:246)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:247)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSI NNDLNWIYQQKPGKAPKLLIYAASLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQNRATPITFGQGTKVEIK (SEQ ID NO:248)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:249)

FIGURA4H

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (lmg)	cdr2 de cadena pesada (lmg)	cdr3 de cadena pesada (lmg)	cdr1 de cadena ligera (lmg)	cdr2 de cadena ligera (lmg)	cdr3 de cadena ligera (lmg)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B108	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:250)	IPIFGTA (SEQID NO:251)	ARNTFG WSGELD Y (SEQ ID NO:252)	QISISNR (SEQID NO:253)	SAS (SEQID NO:254)	QQNHDN PIT (SEQ ID NO:255)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAISWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYY CARNTFGWSGELD YWGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:256)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTG GGTAALGCLVKDYFPEPVT VSWNSGALTSGVHTFPAV LQSSGLYSLSSVTVPSST LGTQTYICNVNHKPSNTKV DKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPK DTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQYNSTYRVV SVLTVLHQDWLNGKEYKC KVSNAKALPAIEKTISKAKG QPREPQVYTLPPSRDELTK NQVSLTCLVKGFYPSDIAV EWESNGQPENNYKTTTPPV LSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFCFSVMHEALH NHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:257)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRVITITCRASQSI SNRLNWIYQQKPGK APKLLIYASASSLQSG VPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFAT YYCQQNHNDNPITFG QGKVEIK (SEQ ID NO:258)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKHKVYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:259)
VST B109	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:260)	IPIFGTA (SEQID NO:261)	ARSSYG WSYEFD Y (SEQID NO:262)	QSIATY (SEQID NO:263)	AAS (SEQID NO:264)	QQNHNR PIT (SEQID NO:265)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAISWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYY CARSSYGWSYEFD YWGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:266)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTG GGTAALGCLVKDYFPEPVT VSWNSGALTSGVHTFPAV LQSSGLYSLSSVTVPSST LGTQTYICNVNHKPSNTKV DKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPK DTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPREEQYNSTYRVV SVLTVLHQDWLNGKEYKC KVSNAKALPAIEKTISKAKG QPREPQVYTLPPSRDELTK NQVSLTCLVKGFYPSDIAV EWESNGQPENNYKTTTPPV LSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFCFSVMHEALH NHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:267)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRVITITCRASQSI ATYLNWIYQQKPGK APKLLIYAASSLQSG VPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFAT YYCQQNHNRPIITFG QGKVEIK (SEQ ID NO:268)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKHKVYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:269)

FIGURA4I

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (lmg)	cdr2 de cadena pesada (lmg)	cdr3 de cadena pesada (lmg)	cdr1 de cadena ligera (lmg)	cdr2 de cadena ligera (lmg)	cdr3 de cadena ligera (lmg)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B110 INX9 17	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:270)	IPIFGTA (SEQID NO:271)	ARHSIG WVAELD Y (SEQ ID NO:272)	QSINTD (SEQID NO:273)	AAS (SEQID NO:274)	QQGASD PIT (SEQ ID NO:275)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAISWVRQ APGQGLEWMGGII PIFGTANYAQKFQ RVTITADESTSTAY MELSSLRSEDYAVY YCARHSIGWVAEL DYWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:276)	ASTKGPSVFPLAPSSKST SGGTAALGCLVKDYFPEP VTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSSGLYSLSSVVTVP SSSLGTQTYICNVNHKPS NTKVDKKVEPKSCDKTHT CPPCPAPELLGGPSVFLF PPKPKDTLMISRTPEVTCV VVDVSHEDPEVKFNWYV DGVEVHNAKTKPREEQY NSTYRVVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYT LPPSRDELTKNQVSLTCL VKGFYPSDIAVEWESNGQ PENNYKTTTPVLDSDGSF FLYSKLTVDKSRWQQGN VFSCSVMHENHHTQK SLSLSPGK (SEQ ID NO:277)	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITICRASQSN TDLNWIYQQKPGKAP KLLIYAASLQSGVP SRFSGSGSGTDFTLT ISSLPEDFATYYCQ QGASDPITFGQGTKV EIK (SEQ ID NO:278)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKST YLSSTLTLSKA DYEKHKVYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:279)
VST B111	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:280)	IPIFGTA (SEQID NO:281)	ARSSYG WSYEFD Y (SEQID NO:282)	QSINTD (SEQID NO:283)	AAS (SEQID NO:284)	QQNRGS PIT (SEQID NO:285)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAISWVRQ APGQGLEWMGGII PIFGTANYAQKFQ RVTITADESTSTAY MELSSLRSEDYAVY YCARSSYGWSYEF DYWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:286)	ASTKGPSVFPLAPSSKST SGGTAALGCLVKDYFPEP VTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSSGLYSLSSVVTVP SSSLGTQTYICNVNHKPS NTKVDKKVEPKSCDKTHT CPPCPAPELLGGPSVFLF PPKPKDTLMISRTPEVTCV VVDVSHEDPEVKFNWYV DGVEVHNAKTKPREEQY NSTYRVVSVLTVLHQDWL NGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYT LPPSRDELTKNQVSLTCL VKGFYPSDIAVEWESNGQ PENNYKTTTPVLDSDGSF FLYSKLTVDKSRWQQGN VFSCSVMHENHHTQK SLSLSPGK (SEQ ID NO:287)	DIQMTQSPSSLSASV GDRVITICRASQSN TDLNWIYQQKPGKAP KLLIYAASLQSGVP SRFSGSGSGTDFTLT ISSLPEDFATYYCQ QNRGSPITFGQGTK VEIK (SEQ ID NO:288)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKST YLSSTLTLSKA DYEKHKVYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:289)

FIGURA4J

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B113 INX9 18	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:290)	IIPIFGTA (SEQID NO:291)	ARHSIG WVAELDY (SEQ ID NO:292)	QSIATD (SEQID NO:293)	AAS (SEQID NO:294)	QQAHW YPLT (SEQ ID NO:295)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSED TAVYY CARHSIGWVAELDY WGQGT LVTVSS (SEQ ID NO:296)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:297)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVITICRASQSIATDLNWIYQQKPGKAPKLLIYAASLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQAHWYPLTFGQGTKVEIK (SEQ ID NO:298)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:299)
VST B114	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:300)	IIPIFGTA (SEQID NO:301)	ARHSIG WVAELDY (SEQID NO:302)	QSIATS (SEQID NO:303)	YAS (SEQID NO:304)	QQGAYY PLT (SEQID NO:305)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSED TAVYY CARHSIGWVAELDY WGQGT LVTVSS (SEQ ID NO:306)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:307)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVITICRASQSIATSLNWIYQQKPGKAPKLLIYAASLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQAAYYPLTFGQGTKVEIK (SEQ ID NO:308)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:309)

FIGURA4K

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B115 INX9 19	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:310)	IPIFGTA (SEQID NO:311)	ARSSYG WSYEFD Y (SEQ ID NO:312)	QSIRTY (SEQID NO:313)	AAS (SEQID NO:314)	QQAYSN PIT (SEQ ID NO:315)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSED TAVYY CARSSYGWSYEFD YWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:316)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:317)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSI RTYLNWYQKPKGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQAYSNPITFGQGTKVEIK (SEQ ID NO:318)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:319)
VST B116	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:320)	IPIFGTA (SEQID NO:321)	ARSSYG WSYEFD Y (SEQID NO:322)	QSINTN (SEQID NO:323)	AAS (SEQID NO:324)	QQARDT PIT (SEQID NO:325)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSED TAVYY CARSSYGWSYEFD YWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:326)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:327)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSI NTNLNWYQKPKGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQARDTPITFGQGTKVEIK (SEQ ID NO:328)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:329)

FIGURA4L

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B49	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFPS HT (SEQID NO:330)	IYPFIDST (SEQID NO:331)	ARGIRG YTMDY (SEQ ID NO:332)	ESVDNY GLSF (SEQID NO:333)	GAS (SEQID NO:334)	QQSKEV PYT (SEQ ID NO:335)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVCKASG YTFPSHTIHVVRQA PGQRLEWMGSIYP FIDSTIYNQKFKDRV TITRDTASTAYMEL SSLRSEDVAVYCA RGIRGYTMDYWGQ GTLVTVSS (SEQ ID NO:336)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYITLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:337)	DVVMQTQSPSLSPVT LGQPASISCRASES VDNVGLSFMNWFQ QRPQGSPRRLIYGA SNQGSQVDRFSG SSGSDFTLKISRV EAEDVGYYCQQS KEVPYTFGQGTKLE IK (SEQ ID NO:338)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYR REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:339)
VST B50I NX5 00	IgG2/kappa mutado Humano	NLTLLDSG L andVQTGK DAPSNC Grupo 2	GYTFTN YG (SEQID NO:340)	INPYTGE P (SEQID NO:341)	AREGYG NYIFPY (SEQID NO:342)	ESVDTY ANSL (SEQID NO:343)	RAS (SEQID NO:344)	QQTNEP PRT (SEQID NO:345)	QVQLVQSGSELKKP GASVKVCKASGYT FTNYGLNWVRQAP GQGLEWMGWINPY TGEPTYADDFKGRF VFSLDTSVSTAYLQI CSLKAEDTAVYCA REGYGNYIFPYWG QGTLTVSS (SEQ ID NO:346)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYITLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:347)	DIVMTQTPLSLSVTP GQPASISCRASES V DTYANSLMHWYLQ KPGQPPQLLIYRAS NLESGVDRFSGS GSGDFTLKISRV EADVGYYCQQTN EDPRTFGQGTKLEI K (SEQ ID NO:348)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYR REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:349)

FIGURA4M

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B51	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFTFSS YT (SEQID NO:350)	ISNSGSY T (SEQID NO:351)	ARDTVLPFDY (SEQ ID NO:352)	SSISY (SEQID NO:353)	DTS (SEQID NO:354)	HQRSSFT (SEQID NO:355)	EVQLVESGGGLVQ PGGSLRLSCAASGFTFSYTMWVRQA PGKGLEWVATISNS GSYTYLDSVKGRF TISRDNAKNSLYLQ MNSLRAEDTAVYYC ARDTVLPFDYWG QGTTVTVSS (SEQ ID NO:356)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFPYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:357)	EIVLTQSPDFQSVT PKEKVTITCSATSSI SYMHWYQQKPDQS PKLLIKDTSELASGV PSRFSGSGSGTDFT LTINSLEAEDAATYY CHQRSSTFTGQGT KLEIK (SEQ ID NO:358)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:359)
VST B52	IgG2/kappa mutado Humano		GGTFSN YW(SEQID NO:360)	IYPGGG FT(SEQID NO:361)	ARYYRS DEDYSMD(SEQID NO:362)	QSLLYS NGKTY (SEQID NO:363)	LVS(SEQ ID NO:364)	VQATHF PQT (SEQID NO:365)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVSKKASG GTFSNYWIGWVRQ APGQGLEWMGEIY PGGGFTHYNEKFK GRVTITADESTSTA YMELSSLRSEDTAV YYCARYYRSEDEDY SMDFWGQGLTVTSS (SEQ ID NO:366)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFPYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:367)	DVVMTQSPSLPVT LGQPASISCKSSQS LLYSNGKTYLNWFQ QRPQGSPRRLIYLV SKLDSGVPDRFSGS GSGTDFTLKISRVE AEDGVVYCVQAT HFPQTGQGTGLEIK (SEQ ID NO:368)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:369)

FIGURA4N

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B53I NX9 05	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTH Y (SEQID NO:370)	IIPSSGY S (SEQID NO:371)	ARGAYD DYYDYY AMDY(S EQID NO:372)	QTIVHSN GNTY (SEQ ID NO:373)	KVS (SEQID NO:374)	FQASHV PWT (SEQ ID NO:375)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTHYTIHWVRQA PGQGLEWMGYIIPS SGYSEYNQKFKDR VTMTTRDTSTSTVYM ELSSLRSEDATVYY CARGAYDDYYDYY AMDYWGGQGLTVTSS (SEQ ID NO:376)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:377)	DIVMTQSPLSLPVTP PGEASISCRSSQTI VHSNGNTYLEWYL QKPGQSPQLLIYKV SNRFGVPRDRFSG SGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCFQA SHVPWTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:378)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKIDSTYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:379)
VST B54I NX9 06	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 2	GYNIKDT Y (SEQID NO:380)	IDPTHGY V (SEQID NO:381)	ARDRFD PYWFLD V (SEQID NO:382)	ESVEYY GTSL (SEQID NO:383)	DAF (SEQID NO:384)	QQSRKV PWT (SEQID NO:385)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YNIKDTYMHVVRQA PGQGLEWMGRID PTHGYVIYDPKFQGRVTMTTRDTSTSTVY MELSSLRSEDATVYYCARDRFDPYWFLLDVGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:386)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:387)	DIVMTQTPLSLSVTP GQPASISCRASESV EYYGTSMLQWYLQ KPGQSPQLLIYDAF NVESGVPRDRFSGS GSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQRKVPWTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:388)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKIDSTYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:389)

FIGURA40

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B55	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYSIASD YV(SEQ ID NO:390)	ISYSGST (SEQ ID NO:391)	ARITTVV PTGSYY GVDF(SEQ ID NO:392)	SSVNF(SEQ ID NO:393)	DTS(SEQ ID NO:394)	QQWSN YPFT (SEQ ID NO:395)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSGY SIADYVWNWIRQP PGKGLEWIGYISYS GSTSNNPSLNSRVTSVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAR ITTVVPTGSYYGVD FWGQGTITVTSS (SEQ ID NO:396)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:397)	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCSGSSS VNFMYWYQQKPDQ SPKLLIKDTSNLSAG VPSRFSGSGSGTDFTLTINSLEAEDAATYYCQQWSNYPFTFGGQTKLEIK (SEQ ID NO:398)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:399)
VST B56I NX9 01	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 2	GYTFTS YW (SEQID NO:400)	IIPNTLHT (SEQID NO:401)	ARLDGD YDYALD Y(SEQID NO:402)	ESVEYY GTSF (SEQID NO:403)	TAS (SEQID NO:404)	QQSRKV PYT (SEQID NO:405)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YFTFSYWLHWVRQ APGQGLEWMGYIIP NTLHTDYNQKFKDRVTMTRDTSTSTVYMESSLRSEDTAVYYCARLDGDYDYALDYWGQGTITVTSS (SEQ ID NO:406)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:407)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASESV EYYGTSFMQWYLQ KPGQPPQLLIYAS NVESGVPDFRSGSGSGTDFTLKISRV EADVGVYYCQQR KVPYTFGGQGTKLEIK (SEQ ID NO:408)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:409)

FIGURA4P

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B57	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFTFST YA(SEQ ID NO:410)	ISSGGS DT(SEQ ID NO:411)	ARPTYY GIFSFDY Y(SEQ ID NO:412)	SSVSY(S EQ ID NO:413)	STS(SEQ ID NO:414)	HQWRTY PT(SEQ ID NO:415)	EVQLVESGGGLVQ PGGSLRLSCAASGF TFSTYAMSWVRQA PGKGLEWVATISSG GSDTYYPDTVKGRF TISRDNAKNSLYLQ MNSLRAEDTAVYYC ARPTYYGIFSFDY WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:416)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:417)	DIQLTQSPSFLSASV GDRVITITCSASSSV SYMHWYQQKPGKA PKLLIYSTSNLASGV PSRFSGSGSGTEFT LTISSLQPEDFATYY CHQWRTYPTFGQG TKLEIK(SEQ ID NO:418)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:419)
VST B58	IgG2/kappa mutado Humano		GFSLTN YG (SEQ ID NO:420)	IWRGGN T (SEQ ID NO:421)	ARMVS YTVDY (SEQ ID NO:422)	SSVSY (SEQ ID NO:423)	DTS (SEQ ID NO:424)	QQWSSY PPT (SEQ ID NO:425)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCTVSGF SLTNYGVHWIRQPP GKGLEWIGVIWRG GNTDYNAAFMSRV TISVDTSKNQFSLKL SSVTAADTAVYYCA RSMVSYTVDYWGQ GTLTVSS (SEQ ID NO:426)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:427)	EIVLTQSPDFQSVT PKEKVTITCSASSSV SYMHWYQQKPDQS PKLLIKDTSNLAGSV PSRFSGSGSGTDFDFT LTINSLEAEDAATYY CQQWSSYPPTFGQ GTKLEIK (SEQ ID NO:428)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:429)

FIGURA4Q

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B59	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTD YW (SEQID NO:430)	IETSLNY P (SEQID NO:431)	ARWGIY GNPWFAY (SEQID NO:432)	ESVDSY VNSF (SEQID NO:433)	RAS (SEQID NO:434)	QQSNED PY (SEQ ID NO:435) T	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTDYWMHWVRQ APGQGLEWMGAIE TSLNYP SYNQKFKG RVTMTTRDTSTSTVY MELSSLRSEDTAVY YCARWGIYGNPWF AYWGRGTLVTV (SEQ ID NO:436) SS	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:437)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASEVDSYVNSFVHWYLQKPGQPPQLLIYRASNLESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQSNEDPYTFGGQGTKLEIK (SEQ ID NO:438)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:439)
VST B60 Grupo 2	IgG2/kappa mutado Humano	NLTLLDSGL andVQTGKDAPSNC Grupo 2	GYTFTN YG (SEQID NO:440)	INTYTGES (SEQID NO:441)	ARDYYGI YVSAY (SEQID NO:442)	ESVDNY ANSF (SEQID NO:443)	RAS (SEQID NO:444)	QQSHED PYT (SEQID NO:445)	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMTWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESTYADDFKGRFVFLSDTSVSTAYLQICSLKAEDTAVYYCARDYYGIYVSAYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO:446)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:447)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASEVDNYANSFMHWYLQKPGQSPQLLIYRASNLESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQSHEDPYTFGGQGTKLEIK (SEQ ID NO:448)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:449)

FIGURA4R

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B61	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTS HW(SEQ ID NO:450)	INPRDG RT(SEQ ID NO:451)	ARGDFH YGDYFW YFDV(SEQ ID NO:452)	QNVHGA (SEQ ID NO:453)	MAS(SEQ ID NO:454)	LQHWNY LT(SEQ ID NO:455)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCASG YTFTSHWMHWVRQ APQGQLEWMGEIN PRDGRNTYNEKFKT RVTMTTRDTSTSTVY MELSSLRSEDYAVY YCARGDFHYGDYF WYFDVWVGQGLVT VSS (SEQ ID NO:456)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:457)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRVITICKASQN VHGAUAWYQQKPG KVPKLLIYMASNRP TGVPSRFSGSGSG TDFTLTISSLQPEDV ATYYCLQHWNYLTF GQGKLEIK (SEQ ID NO:458)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:459)
VST B62	IgG2/kappa mutado Humano		GYTFTH YW(SEQ ID NO:460)	IYPGDG DT(SEQ ID NO:461)	ARRDYD YGDY (SEQ ID NO:462)	SSVSH(S EQID NO:463)	LTS(SEQ ID NO:464)	QQYQTY PPT (SEQID NO:465)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCASG YTFTTHYWIQWVRQ APQGQLEWMGAIY PGDGDTRYTKFK GRVTMTTRDTSTSTV YMESSLRSEDYAV YCARRDYDYGDY WGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:466)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:467)	EIVLTQSPDFQSVT PKEKVTITCSASSV SHMYWYQQKPDQS PKLLIKLTSNLAGSV PSRFSGSGSGTDFT LTINSLEAEDAATYY CQQYQTYPTFTGQ GTRLEIK (SEQ ID NO:468)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:469)

FIGURA4S

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B63I NX9 02	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFSITSDF FA (SEQID NO:470)	ITYSGFT (SEQID NO:471)	ARQEYGN YVWYF DV(SEQID NO:472)	ESVEYY GTSL (SEQID NO:473)	AAS (SEQID NO:474)	QQSRKV PWT (SEQ ID NO:475)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSGF SITSDFAWNWIRQP PGKGLEWIGYITYS GFTNYPNPSLESRV ISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAR QEYGNVWYFDVW GQGTLLTVSS (SEQ ID NO:476)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKHTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:477)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASESV EYYGTSLQWYLQKPGQPPQLLIYAASN VESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQSRKVPWTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:478)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:479)
VST B64	IgG2/kappa mutado Humano		GYSITSGYF(SEQ ID NO:480)	MGYDGR I(SEQ ID NO:481)	AREGDY YGSGFAYW(SEQ ID NO:482)	QNVNTN (SEQ ID NO:483)	SAS(SEQ ID NO:484)	QQYNNY PLT (SEQ ID NO:485)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSGY SITSGYFWNWIRQP PGKGLEWIGYMGY DGRIFYPSLKNRV TISVDTSKNQFSLKLS SSVTAADTAVYYCA REGDY YGSGFAYW GQGTLLTVSS (SEQ ID NO:486)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKHTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:487)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVITITCKASQNVNTNLAWYQQKPGKVPKLLIYSASYRSGVPSRFRSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCQQYNNYPLTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:488)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:489)

FIGURA4T

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B65	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTS YW (SEQID NO:490)	INPSNGL T (SEQID NO:491)	ARSYDY DGDYYA MDY(SEQID NO:492)	QSIVHSN GNTY (SEQ ID NO:493)	KVS (SEQID NO:494)	FQASHV PW(SEQ ID NO:495) T	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCASG YTFTSYWIHWVRQA PGQGLEWMGEINP SNGLTNYNEKFRNR VTMTTRDTSTSTVYM ELSSLRSEDATVYY CARSYDYDGDYYA MDYWGQGLTVTS S (SEQ ID NO:496)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:497)	DIVMTQSPLSLPV T PGEAPASISCRSTQSI VHSNGNTYLEWYL QKPGQSPQLLIYKV SNRFGVPPDRFSG SGSGTDFTLKISR V EAEDVGVYYCFQA SHVPWTFGQGTKL EIK (SEQ ID NO:498)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY P REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPV T KSFNRGEC (SEQ ID NO:499)
VST B66I NX9 07	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 2	GYPFTG YF (SEQID NO:500)	INPYNG GT (SEQID NO:501)	ARWTFD GLFMDY (SEQID NO:502)	ENVDKY GISF (SEQID NO:503)	ATS (SEQID NO:504)	QQSKED PYT (SEQID NO:505)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCASG YPFTGYFMHWVRQ APGQGLEWMGRIN PYNGGTVYNQNFN DRVTMTTRDTSTSTV YMELSSLRSEDATV YYCARWTFDGLFM DYWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:506)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:507)	DVVMTQSPLSLPV T LGQPASISCRASEN VDKYGISFMNWFQ QRPQGSPRRLIYAT SNQGSQVPPDRFSG SGSGTDFTLKISR V EAEDVGVYYCQQS KEDPYTFGQGTKLE IK (SEQ ID NO:508)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY P REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPV T KSFNRGEC (SEQID NO:509)

FIGURA4U

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B67I NX9 09	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	DYIFSSY W (SEQID NO:510)	IFPGSG GT (SEQID NO:511)	ARAIYYD YDMYYF DS(SEQID NO:512)	QDISSY (SEQID NO:513)	YTS (SEQID NO:514)	QHVNTL PWT (SEQ ID NO:515)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASDY IFSSYWIQWVRQAP GQGLEWMGEIFPG SGGTNYNEKFKGR VTMTTRDTSTSTVYM ELSSLRSED TAVYY CARAIYYDYDMYYF DSWGQGT TVTVSS (SEQ ID NO:516)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:517)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRVITICRASQD ISSYLNWYQKPKGK VPKLLIYYT SRLHSG VPSRFGSGSGGTD FTLTISSLQPEDVAT YYCQHVNTLPWTF GQGKLEIK (SEQ ID NO:518)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:519)
VST B68	IgG2/kappa mutado Humano		GYTFTD YT (SEQ ID NO:520)	INPYNG GT (SEQ ID NO:521)	ARHYGN YNWYFD V (SEQ ID NO:522)	QYVNTA (SEQ ID NO:523)	SAS (SEQ ID NO:524)	QQHFTT PIT (SEQ ID NO:525)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTDYTMNWVRQ APGQRLEWMGLIN PYNGGTTYNQKFK GRVTITRDT SASTA YMELSSLRSED TAV YYCARHYGNYNWY FDVWGQGT TVTVS S (SEQ ID NO:526)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:527)	DIQLTQSPSFLSASV GDRVITICKASQYV NTAVAWYQKPKGK APKLLIYSASYRYTG VPSRFGSGSGTEF TLTISLQPEDFATY YCQQHFTT PITFGQ GTKLEIK (SEQ ID NO:528)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:529)

FIGURA4V

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B69	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTN YG (SEQ ID NO:530)	INTYTGE P(SEQ ID NO:531)	ARNYGN YVAY (SEQ ID NO:532)	QDINSY(SEQ ID NO:533)	RAN(SE Q ID NO:534)	LQYDEF PLT (SEQ ID NO:535)	QVQLVQSGSELKKP GASVKVSCKASGYT FTNYGMNWVRQAP GQGLEWMGWINTY TGEPTYADDFKGRF VFSLDTSVSTAYLQI CSLKAEDTAVYYCA RNYGNVYAYWGQG TTVTSS (SEQ ID NO:536)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:537)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRVITITCKASQDI NSYLSWFQKPGK APKSLIYRANRLVD GVPSRFSGSGSGT DFTLTISLQPEDFA TYYCLQYDEFPLTF GQGTRLEIK (SEQ ID NO:538)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYP REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:539)
VST B70	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GYTFSN YW (SEQID NO:540)	ILPGSGN V (SEQID NO:541)	ATPPHY YGYDYY DVNY(SEQ ID NO:542)	QSL LDS DGKTY (SEQID NO:543)	LVS (SEQID NO:544)	WQGT HF PQT (SEQID NO:545)	EVQLVQSGAEVKKP GATVKISCKVSGYT FSNYWIEWVQQAP GKGLEWMGEILPG SGNVHYNEKFKGR VTITADTSTDTAYM ELSSLRSEDTAVYY CATPPHYGYDYY DVNYWGQGLTVTSS (SEQ ID NO:546)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:547)	DVVM TQSP LSLPVT LGQPASISCKSSQS LLDS DGKTYLNWFQ QRP GQSPRR LIYLV SELD SGVPDR FSGS GSGT DFTLKIS RVE AEDVG VYYCWQGT HFPQT FGQGT KLEI K (SEQ ID NO:548)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYP REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:549)

FIGURA4W

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B71	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYVFSR SW(SEQID NO:550)	IYPGDG DT(SEQID NO:551)	ARRWFL (SEQID NO:552)	QSLSNS GDQKSY (SEQID NO:553)	GAS(SEQID NO:554)	QNDHSY PLT (SEQID NO:555)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVSKASG YVFSRWINWVRQ APGQGLEWMGRIY PGDGDNTYNGKFK GRVTITADESTSTA YMESSLRSEDSTAV YYCARRWFLWGQG TLTVSS (SEQ ID NO:556)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTCP CPAPELLGGPSVFLFPPK KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:557)	DIVMTQSPDLSAVS LGERATINCKSSQS LLNSGDQKSYLAW YQQKPGQPPKLLIY GASTRESGVPDRF SGSGSGTDFTLTIS SLQAEDVAVYYCQ NDHSYPLTFGQGTK LEIK (SEQ ID NO:558)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQ SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:559)
VST B72	IgG2/kappa mutado Humano		GFTFSS YA(SEQID NO:560)	ISSGGS HT(SEQID NO:561)	ARRGNL YDGPY (SEQID NO:562)	SSVSH(S EQID NO:563)	DTS(SEQID NO:564)	QQWNFY PFT (SEQID NO:565)	EVQLVESGGGLVQ PGGSLRLSCAASG TFSSYAMSWVRQA PGKGLEWVAEISSG GSHTYYPDVTGGRF TISRDNAKNSLYLQ MNSLRAEDTAVYYC ARRGNLYDGPYWG QGTLTVSS (SEQ ID NO:566)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTCP CPAPELLGGPSVFLFPPK KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:567)	EIVLTQSPATLSLSP GERATLSCSASSSV SHMYWYQQKPGQ APRLIYDTSKLSAG IPARFSGSGSGTDF TLTISSELEPEDFAVY YCQQWNFYPTFTG QGTLKLEIK (SEQ ID NO:568)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQ SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:569)

FIGURA4X

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítopo/ grupo Epítopo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B73I NX9 10	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTD YV (SEQID NO:570)	IYPGSG NT (SEQID NO:571)	ARVLVS VMDY (SEQ ID NO:572)	SSINY (SEQID NO:573)	DTS (SEQID NO:574)	HQRSSY PWT (SEQ ID NO:575)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTDYVISWVRQA PGQGLEWMGEIYP GSGNTYYYEKFKG RVTMTTRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVY YCARVLVSVM DYW GQGT LVT VSS (SEQ ID NO:576)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:577)	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCSASSIN YITWYQQKPDQS PKLLIKDTSKLASGVPSRFSGSGSGTDFTLTINSLEAEDAATYYCHQRSSYPWTFGQ GTRLEIK (SEQ ID NO:578)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:579)
VST B74	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo4	GYIFTDYN (SEQID NO:580)	INPKYDST (SEQID NO:581)	AADGSS AMDY (SEQID NO:582)	QSL LNS GHQKNY (SEQID NO:583)	GAS (SEQID NO:584)	QNDHRY PLT (SEQID NO:585)	QMQLVQSGPEVKK PGTSVKVSCKASGY IFTDYNIDWVRQARGQRLEWIGDINPKYDSTRYNQKFKGRVTITRDMSTSTAYMELSSLRSED TAVYYCAADGSSAMDYWGQGTTVT VSS (SEQ ID NO:586)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:587)	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQS LLNSGHQKNYLA WYQQKPGQP P KLLIYGASTRESGV PDRFSGSGSGTDFTLTISLQAEDVAVYYCQNDHRYPLTFGQGT KLEIK (SEQ ID NO:588)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:589)

FIGURA4Y

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B75	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFNIDY Y (SEQID NO:590)	IDPENG NT (SEQID NO:591)	ARDYGY FDYW (SEQID NO:592)	SSVIY (SEQID NO:593)	STS (SEQID NO:594)	QQRSSY PHT (SEQID NO:595)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASGF NIKDYIHWVRQAP GQGLEWMGWIDPE NGNTIYDPKFQGRV TITADESTSTAYMEL SSLRSED TAVYCA RDYGYFDYWGGQT LVTVSS (SEQ ID NO:596)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKHTCTCPPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:597)	DVVMQTQSPAFLSVTPGEKVTITCSAGSSVIYMYWYQQKPDQAPKLLIKSTSNLASGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLEAEDAATYYCQQRSSYPHTFGGQTKLEIK (SEQ ID NO:598)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:599)
VST B76I NX9 11	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 2	GYTFTD YW (SEQID NO:600)	IYPSHSY T (SEQID NO:601)	ARGGYR YPYAM DY (SEQID NO:602)	ENIYGA (SEQID NO:603)	GAT (SEQID NO:604)	QNVLST PYT (SEQID NO:605)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVCKASG YFTFDYWINWVRQ APGQGLEWMGNIY PSHSYTNYNQEFKD RVTMTRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVY YCARGGYRYPYAS MDYWGQGT TTVTS S (SEQ ID NO:606)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKHTCTCPPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:607)	AIQLTQSPSSLSASV GDRVITITCGASENIY GALNWWYQQKPGKAPKLLIYGATNLADGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQNVLSTPYTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:608)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:609)

FIGURA4Z

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B78	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTN YW (SEQID NO:610)	INPSSGY T (SEQID NO:611)	ARDGGS VLFY (SEQ ID NO:612)	QSLNLS GIRKNY (SEQ ID NO:613)	SAS (SEQID NO:614)	KQSYNL YT (SEQID NO:615)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTNYWMHWVRQ APGQGLEWMGYIN PSSGYTEYNQKFKD RVMTTRDTSTSTVY MELSSLRSEDNAVY YCARDGGSVLFY WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:616)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTPP CPAPELLGGPSVFLFPPK KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:617)	DIVMTQSPDLSAVS LGERATINCKSSQS LLNSGIRKNYLAWY QQKPGQPPKLLIYS ASTRESGVPDRFS GSGSGTDFTLTISL QAEDVAVYYCKQS YNLYTFGGQGTKLEI K (SEQ ID NO:618)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:619)
VST B79	IgG2/kappa mutado Humano		AYSITSD YA (SEQID NO:620)	ITYSGST (SEQID NO:621)	ARSFGY(SEQID NO:622)	QSIGTS(SEQID NO:623)	YAS(SEQ ID NO:624)	QQINSW PTT (SEQID NO:625)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSAY SITSDYAWNWRQP PGKGLEWIGYITYS GSTRYNPSLKSRT ISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAR SFGYWGQGTITVTV SS (SEQ ID NO:626)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTPP CPAPELLGGPSVFLFPPK KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:627)	EIVMTQSPATLSVS PGERATLSCRASQS IGTSIHWWYQKPGQ APRLIYYASESISGI PARFSGSGSGTEFT LTISLQSEDFAVYY CQQINSWPTTFGQ GTKLEIK (SEQ ID NO:628)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:629)

FIGURA4AA

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B80	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFNIKDY Y (SEQ ID NO:630)	IDPENG DT (SEQ ID NO:631)	ARDMGS SYVY (SEQ ID NO:632)	SSVIY(S EQ ID NO:633)	STS(SEQ ID NO:634)	QQRSSY PFT (SEQ ID NO:635)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVCKASGF NIKDYMHWVRQA PGQGLEWMGWIDP ENGDTYAPKFQD RVTMTTRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVY YCARDMGSSYVYW GRGTLTVSS (SEQ ID NO:636)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:637)	DVVMQTQSPAFLSVTPGEKVTITCSASSVIYMHWYQQKPDQAPKLLIKSTSNLASGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLEAEDAATYYCQQRSSYPFTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:638)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:639)
VST B81	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GFSLST SGMG (SEQID NO:640)	IYWDDD K (SEQID NO:641)	ARRPDY FGSSYV D (SEQID NO:642)	ESVDTY GNSF (SEQID NO:643)	LAS (SEQID NO:644)	QQNNED PWT (SEQID NO:645)	QVTLKESGPALVKP TQTLTLTCTFSGFSL STSGMGVSWIRQPPGKALEWLAHIYWD DDKRYNPSLKSRLT ISKDTSKNQVVLTM TNMDPVD TATYYCARRPDYFGSSYVDW GQGTTVTVSS (SEQ ID NO:646)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:647)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASESVDTYGNSFMHWYLQKPGQPPQLLIYLASNLDFGVGPDREFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQNNEDPWTFGGQGTKLEIK (SEQ ID NO:648)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:649)

FIGURA4BB

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B82	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYSITSDYA(SEQID NO:650)	ITYSGST(SEQID NO:651)	ARSHYGSTYWF DV(SEQID NO:652)	ESVEYYGTSL(SEQID NO:653)	AAS(SEQID NO:654)	QQTRKVPWT (SEQID NO:6565)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSGY SITSDYAWNWRQP PGKGLEWIGFITYS GSTNYNPSLKSRT ISVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAR SHYGSTYWFYFDVW GQGTTVTVSS (SEQ ID NO:656)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:657)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASEVEYYGTSIMQWYLQKPGQSPQLLIYAASNVESGVPDRFSGSGSDTFTLKISRVEAEDVGVYYCQQTRKVPWTFGQGTREIK (SEQ ID NO:658)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSSLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:659)
VST B83	IgG2/kappa mutado Humano		GYTFTSYD(SEQID NO:660)	IYPGDGYT(SEQID NO:661)	ARWGYGSYAMDY (SEQID NO:662)	QSLVHSNGNTY (SEQID NO:663)	KVS(SEQID NO:664)	SQSTHVPPT (SEQID NO:665)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQAPGQGLEWMGWYIPGDYTEYNEKFRGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARWGYGSYAMDYWGQGTSLTVSS (SEQ ID NO:666)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:667)	DIVMTQSPLSLPVTGPEPASISCRSSQSLVHSNGNTYLHWYLVKPGQSPQLLIYKVSNNRFGSVPDRFSGSGSGTFTLKISRVEAEDVGVYYCSQSTHVPPTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:668)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSSLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:669)

FIGURA4CC

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B84I NX9 12	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFTS YW (SEQID NO:670)	INPSTGY P (SEQID NO:671)	ARSYYD YDGA WFAY(S EQID NO:672)	ESVEYY GTSL (SEQID NO:673)	AAS (SEQID NO:674)	QQSRKV PST (SEQ ID NO:675)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTSYWMHWVRQ APGQGLEWMGYIN PSTGYPGYNQKFK DRVTMTTRDTSTSTV YMELSSLRSED TAV YYCARSYYDYDGG AWFAYWGQGT TTVT VSS (SEQ ID NO:676)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:677)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRASEVEYYGTSIMQWYLLQKPGQPPQLLIYAAS NVESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQSRKVPSTFGQGTGLEIK (SEQ ID NO:678)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:679)
VST B85I NX9 13	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GYTFTD YA (SEQID NO:680)	IDTYYGNT (SEQID NO:681)	ARGGGD ALDY (SEQID NO:682)	QSVSND (SEQID NO:683)	YAS (SEQID NO:684)	QQGYTS LRT (SEQID NO:685)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFTDYAMHWVRQ APGQGLEWMGVID TYYGNTNYNQKFK GRVTMTTRDTSISTA YMELSR LRSDDTAV YYCARGGGDALDY WGQGT TTVTVSS (SEQ ID NO:686)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:687)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVITITCKASQSVSNDVWVYQKQPGKAPKLLIYYASNRYIGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLPEDIA TYYCQQGYTSRLTFGQGTGLEIK (SEQ ID NO:688)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:689)

FIGURA4DD

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B87	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYSITSGYS(SEQID NO:690)	IHYIGIT(SEQID NO:691)	AREDYDYDGVFAY(SEQID NO:692)	QSIENN(SEQID NO:693)	YAS(SEQID NO:694)	QQSNSWPHT(SEQID NO:695)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSGY SITSGYSWHWIRQP PGKGLEWIGYIHYIG ITNNNPSLKSRTVIS VDTSKNQFSLKLSS VTAADTAVYYCARE DYDYGDFVAYWGQ GTLVTVSS (SEQ ID NO:696)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:697)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSI SNNLHWYQQKPGQ APRLLIYYASQISIGI PARFSGSGSGTDFT LTISLEPEDFAVYY CQQSNSWPHTFGQ GTKLEIK (SEQ ID NO:698)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYPR EAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDS YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:699)
VST B88	IgG2/kappa mutado Humano		GFSLTNYD (SEQID NO:700)	IWTGGGT (SEQID NO:701)	AREGLLLPLY (SEQID NO:702)	QNVGTN (SEQID NO:703)	SAS (SEQID NO:704)	QQYNSYPLT (SEQID NO:705)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCTVSGF SLTNYDISWIRQPP GKGLEWIGVIWTTGG GTNYNSAFMSRVTI SVDTSKNQFSLKLS SVTAADTAVYYCAR EGLLLPLYWGQGT LTVSS (SEQ ID NO:706)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:707)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRVITTKASQN VGTNVAWYQQKPG KVPKLLIYSASYRYS GVPSRFSGSGSGT DFTLTISLQPEDVA TYYCQQYNSYPLTF GQGKLEIK (SEQ ID NO:708)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYPR EAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDS YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:709)

FIGURA4EE

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B89	IgG1/? de ratón		GYTFTN FG(SEQID NO:710)	INTYTGE P(SEQID NO:711)	ARGAYY YGSRVW FAY(SEQ ID NO:712)	QNLVHS NGNTY (SEQID NO:713)	KVS(SEQ ID NO:714)	SQSSHV PYT(SEQ ID NO:715)	QVQLVQSGSELKKP GASVKVSCKASGYT FTNFGMNWVRQAP GQGLEWMGWINTY TGEPTYADDFKGRF VFSLDTSVSTAYLQI CSLKAEDTAVYYCA RGAYYYGSRVWFA YWQGGLTVTVSS (SEQ ID NO:716)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:717)	DIVMTQSPLSLPVT PGEPASISCTSSQN LVHNSGNTYTLHWYL QKPGQSPQLLIYKV SNRFGSVPDRFSG SGSGTDFTLKISR EAEDVGYYCSQS SHVPYTFGQGTKLE IK (SEQ ID NO:718)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:719)
VST B90	IgG1/kappa Humano		GFSLTS SG (SEQID NO:720)	IWSGGN T (SEQID NO:721)	AREDYD YDWYFD V(SEQID NO:722)	ESVEYY GTSL (SEQID NO:723)	AAS (SEQID NO:724)	QQSRKV PWT (SEQID NO:725)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCTVSGF SLTSSGVHWIRQPP GKGLEWIGVIWSSG NTDYNAFISRVTIS VDTSKNQFSLKLS VTAADTAVYYCARE DYDYDWYFDVWG QGTTTVTVSS (SEQ ID NO:726)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVVPSS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSGDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:727)	DIVMTQTPLSLSVTP GQPASISCRASESV EYYGTSMLQWYLQ KPGQPPQLLIYAAS NVKSGVPDRFSGS SGSGTDFTLKISRVE AEDVGYYCQQR KVPWTFGQGTKLEI K (SEQ ID NO:728)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFY REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQID NO:729)

FIGURA4FF

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B91	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GYTFAN FW (SEQ ID NO:730)	IFPGNSD T (SEQ ID NO:731)	ARELTG TYYFDY (SEQ ID NO:732)	SSVS Y (SEQ ID NO:733)	SSS (SEQ ID NO:734)	HQWSG HFT (SEQ ID NO:735)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFANFWMHWVRQ APGQGLEWMGAIF PGNSDTGYNQKFK GRVTMTTRDTSTSTV YMELSSLRSED TAV YYCARELTGTYYFD YWGQGT LVT VSS (SEQ ID NO:736)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:737)	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCSATSSVSYMHWYQQKPGQAPRLIYSSSNL ASGIPARFSGSGSGTDFLTLSISLEPEDFAVY YCHQWSGHFTFGG GTKLEIK (SEQ ID NO:738)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTASVVC LLNNFY P REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:739)
VST B92I NX9 08	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GYTFAN YL (SEQID NO:740)	IYPGGG FI (SEQID NO:741)	ARRFDY GGYFFD Y (SEQID NO:742)	QSIVHSN GNIY (SEQID NO:743)	KVS (SEQID NO:744)	FQGSHV PWT (SEQID NO:745)	QVQLVQSGAEVKK PGASVKVSCKASG YTFANYLIGWVRQA PGQRLEWMGDIYP GGGFISYNEKFKGR VTITRDTSASTAYM ELSSLRSED TAVYY CARRFDYGGYFFD YWGQGT LVT VSS (SEQ ID NO:746)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSV MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:747)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPAISCRSSQSI VHSNGNIYLEWYLQ KPGQSPQLLIYKVS NRFGV PDRFSGSGSGTDFTLKISRVE AEDVGVYYCFQGS HVPWTFGQGT KLEIK (SEQ ID NO:748)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTASVVC LLNNFY P REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:749)

FIGURA4GG

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B93	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFSITNY D (SEQ ID NO:750)	IWTGGG T(SEQID NO:751)	ARDRSP YFGYDY (SEQID NO:752)	QSLVHS NGNTY (SEQID NO:753)	KVS(SEQ ID NO:754)	SQSTHV PWT (SEQID NO:755)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCTVSGF SITNYDISWIRQPPG KGLEWIGVIWVGGS TNYNsafmsrvtis VDTsknqfslklss VTAADTAVYYCARD RSPYFGYDYWGQG TTVTVSS (SEQ ID NO:756)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:757)	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCRSSQSLVHSNGNTYLHWYLVKPGQSPQLLIYKVSNRFGVPRDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCSQSTHPVPTFGQGTKEIK (SEQ ID NO:758)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO:759)
VST B94	IgG2/kappa mutado Humano		GYSITSD YA (SEQID NO:760)	MMYSGS A (SEQID NO:761)	ARFDHY YGRFDY (SEQID NO:762)	SSVS Y (SEQ ID NO:763)	EIS(SEQ ID NO:764)	QQWNY PLFT (SEQID NO:765)	QVQLQESGPGLVK PSETLSLTCAVSGY SITSYAWTWIRQP PGKLEWIGYMMY SGSASYNPSLKGRV TISVDTSKNQFSLKL SSVTAADTAVYYCARFDHY YGRFDYWG QGTTTVTVSS (SEQ ID NO:766)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:767)	AIQLTQSPSSLSASV GDRVTITCSASSSV SYIHWWYQKPGKAPKLLIYEISKLASGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQWNYPLFTFGQGTKLEIK (SEQ ID NO:768)	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQID NO:769)

FIGURA4HH

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B95I NX9 03	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GFTFRN YG (SEQ ID NO:770)	IISGGSY T (SEQ ID NO:771)	ARIYDHD GDYYAM DY(SEQ ID NO:772)	QSIVHSN GNTY (SEQ ID NO:773)	KVS (SEQ ID NO:774)	FQGSHV PWT (SEQ ID NO:775)	EVQLVESGGGLVQ PGGSLRLSCAASGF TFRNYGMSWVRQA PGKGLEWVASIISG GSYTYYPDSVKGRF TISRDNAKNSLYLQ MNSLRAEDTAVYYC ARIYDHDGDYYAMD YWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:776)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:777)	DIVMTQSPSLSPVT PGPASISCRSSQSI VHSNGNTYLEWYL QKPGQSPQLLIYKV SNRFGVDPDRFSG SSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCFQG SHVPWTFGGQGTKL EIK (SEQ ID NO:778)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:779)
VST B96	IgG2/kappa mutado Humano		GYTFTS YD (SEQ ID NO:780)	IYPGDG ST (SEQ ID NO:781)	AREGITP FAY (SEQ ID NO:782)	KSISKY (SEQ ID NO:783)	SGS (SEQ ID NO:784)	QQHNEY PWT (SEQ ID NO:785)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG YTFTSYDINWVRQA PGQGLEWMGRIYP GDGSTKYNEKFKG RVTITADKSTSTAY MELSSLRSEDYAVY YCAREGITPFAYWG QGTTTVTVSS (SEQ ID NO:786)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKTHTCPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:787)	AIQLTQSPSSLSASV GDRVITICRASKSIS KYLAWYQQKPGKA PKLLIYSGSTLQSGV PSRFGSGSGTDFT LTISLQPEDFATYY CQQHNEYPWTFGGQ GTKLEIK (SEQ ID NO:788)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYF REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKKHYACE VTHQGLSSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:789)

FIGURA4II

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VSTB 97INX 914	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSSY A (SEQID NO:790)	IIPIFGTA (SEQID NO:791)	ARSSYGW SYEFDY (SEQ ID NO:792)	QSISSY (SEQID NO:793)	AAS (SEQID NO:794)	QQSYSTP LT (SEQID NO:795)	QVQLVQSGAEVKKPGS SVKVSCKASGGTFSSY AISWVRQAPGGGLEW MGGIIPIFGTANYAQKF QGRVTITADESTSTAY MELSSLRSEDNAVYYC ARSSYGWSYEFDYWG QGTLTVSS (SEQ ID NO:796)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPTVSWNS GALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL SSVVTPSSSLGTQTYICNVNH KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHT CPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDVSH E DPEVKFNWYVDGVEVHNAKTK PREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTPPV L DSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQ GNVFSCSVMHEALHNHYTQKS LSLSPGK (SEQ ID NO:797)	DIQMTQSPSSLSASVG DRVTITCRASQSISSYL NWYQQKPGKAPKLLIY AASSLQSGVPSRFSGS GSGTDFLTISLQPED FATYYCQSYSTPLTF GQGTKVEIK (SEQ ID NO:798)	RTVAAPSVFIFPP SDEQLKSGTASVV CLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKD STYLSSTLTLSK ADYEKHKVYACE VTHQGLSSPVTKS FNRGEC (SEQ ID NO:799)
VSTB 98	IgG2/kappa mutado Humano	Grupo 1	GGTFSSY A (SEQID NO:800)	IIPIFGTA (SEQID NO:801)	ARSTVGW SYEFDY (SEQID NO:802)	QSISSY (SEQID NO:803)	AAS (SEQID NO:804)	QQSYSTP LT (SEQID NO:805)	QVQLVQSGAEVKKPGS SVKVSCKASGGTFSSY AISWVRQAPGGGLEW MGGIIPIFGTANYAQKF QGRVTITADESTSTAY MELSSLRSEDNAVYYC ARSTVGWSYEFDYWG QGTLTVSS (SEQ ID NO:806)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPTVSWNS GALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL SSVVTPSSSLGTQTYICNVNH KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHT CPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDVSH E DPEVKFNWYVDGVEVHNAKTK PREEQYNSTYRVVSVLTVLHQ DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSR DELTKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTTPPV L DSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQ GNVFSCSVMHEALHNHYTQKS LSLSPGK (SEQ ID NO:807)	DIQMTQSPSSLSASVG DRVTITCRASQSISSYL NWYQQKPGKAPKLLIY AASSLQSGVPSRFSGS GSGTDFLTISLQPED FATYYCQSYSTPLTF GQGTKVEIK (SEQ ID NO:808)	RTVAAPSVFIFPP SDEQLKSGTASVV CLLNNFYPREAKV QWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKD STYLSSTLTLSK ADYEKHKVYACE VTHQGLSSPVTKS FNRGEC (SEQID NO:809)

FIGURA4JJ

ID de mAb	Descripción	Secuencia Epítipo/ grupo Epítipo	cdr1 de cadena pesada (Imgt)	cdr2 de cadena pesada (Imgt)	cdr3 de cadena pesada (Imgt)	cdr1 de cadena ligera (Imgt)	cdr2 de cadena ligera (Imgt)	cdr3 de cadena ligera (Imgt)	Cadena pesada variable	Cadena pesada constante	Cadena ligera variable	Cadena ligera constante
VST B99	IgG1/kappa de ratón	Grupo 1	GGTFSS YA (SEQID NO:810)	IIPIFGTA (SEQID NO:811)	ARHVLG WVLELD Y (SEQ ID NO:812)	QSISSY (SEQID NO:813)	AAS (SEQID NO:814)	QQSYST PLT (SEQID NO:815)	QVQLVQSGAEVKK PGSSVKVCKASG GTFSSYAIWVRQA PGQGLEWMGGIPI FGTANYAQKFQGR VTITADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYY CARHVLGWVLELD YWGQGTLLVTVSS (SEQ ID NO:816)	ASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPV TVSWNSGALTSGVHTFPA VLQSSGLYSLSSVTVPS SLGTQTYICNVNHKPSNTK VDKKVEPKSCDKHTCTPP CPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDV SHEDPEVKFNWYVDGVEV HNAKTKPREEQYNSTYRV VSVLTVLHQDWLNGKEYK CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSRDEL TKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQPENNYKTP PVLDSDGSFFLYSKLTVDK SRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO:817)	DIQMTQSPSSLSAS VGDRTVITCRASQSI SSYLNWYQQKPGK APKLLIYAASSLQSG VPSRFSGSGSGTD FTLTISSLQPEDFAT YYCQQSYSTPLTFG QGTKVEIK (SEQ ID NO:818)	RTVAAPSVFIFP PSDEQLKSGTA SVVCLLNNFYR REAKVQWKVD NALQSGNSQE SVTEQDSKDST YLSSTLTLSKA DYEKHKVYACE VTHQGLSPVT KSFNRGEC (SEQ ID NO:819)

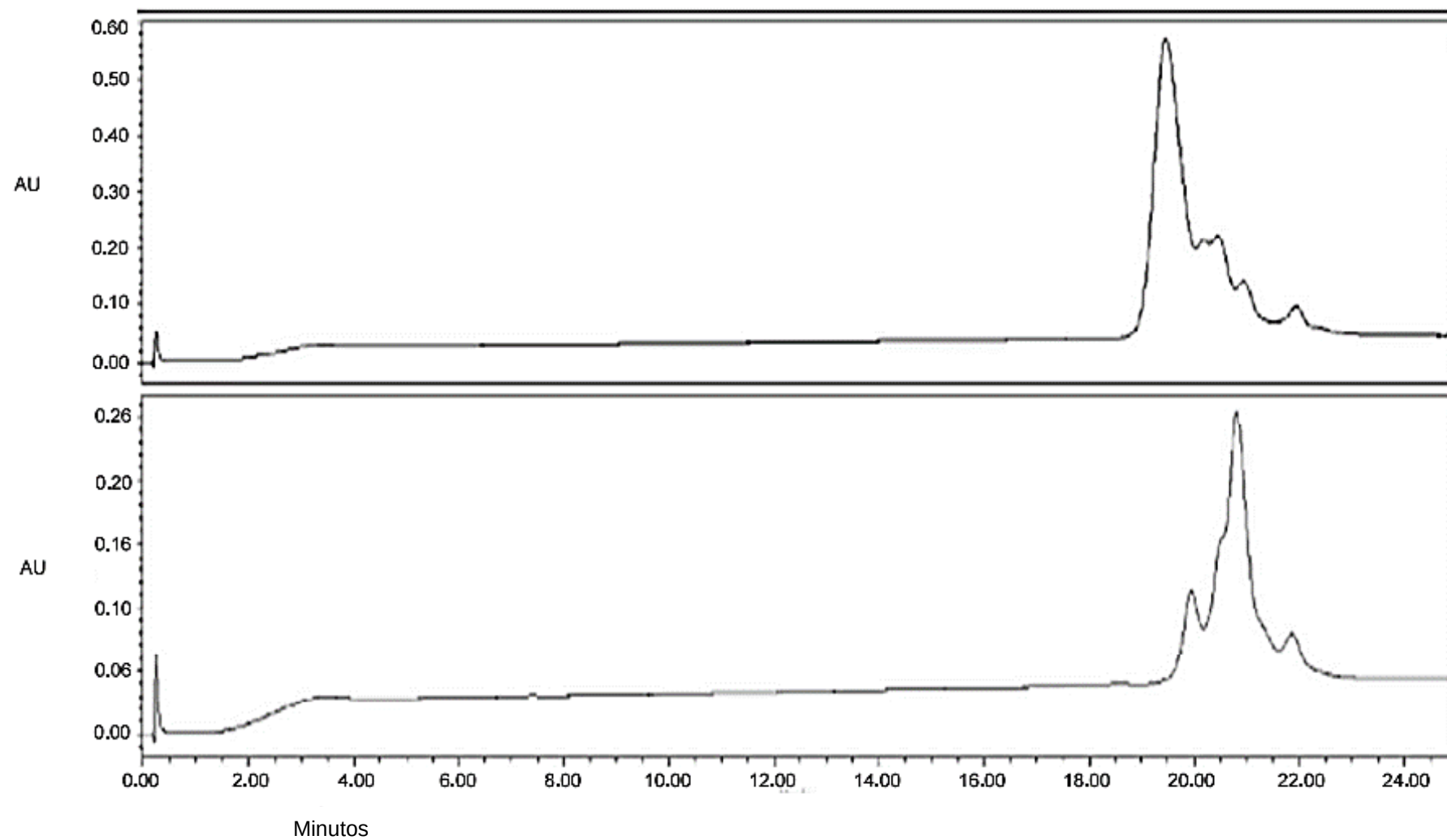


Figura 11: Enriquecimiento químico de las Isoformas IgG2 A o B.

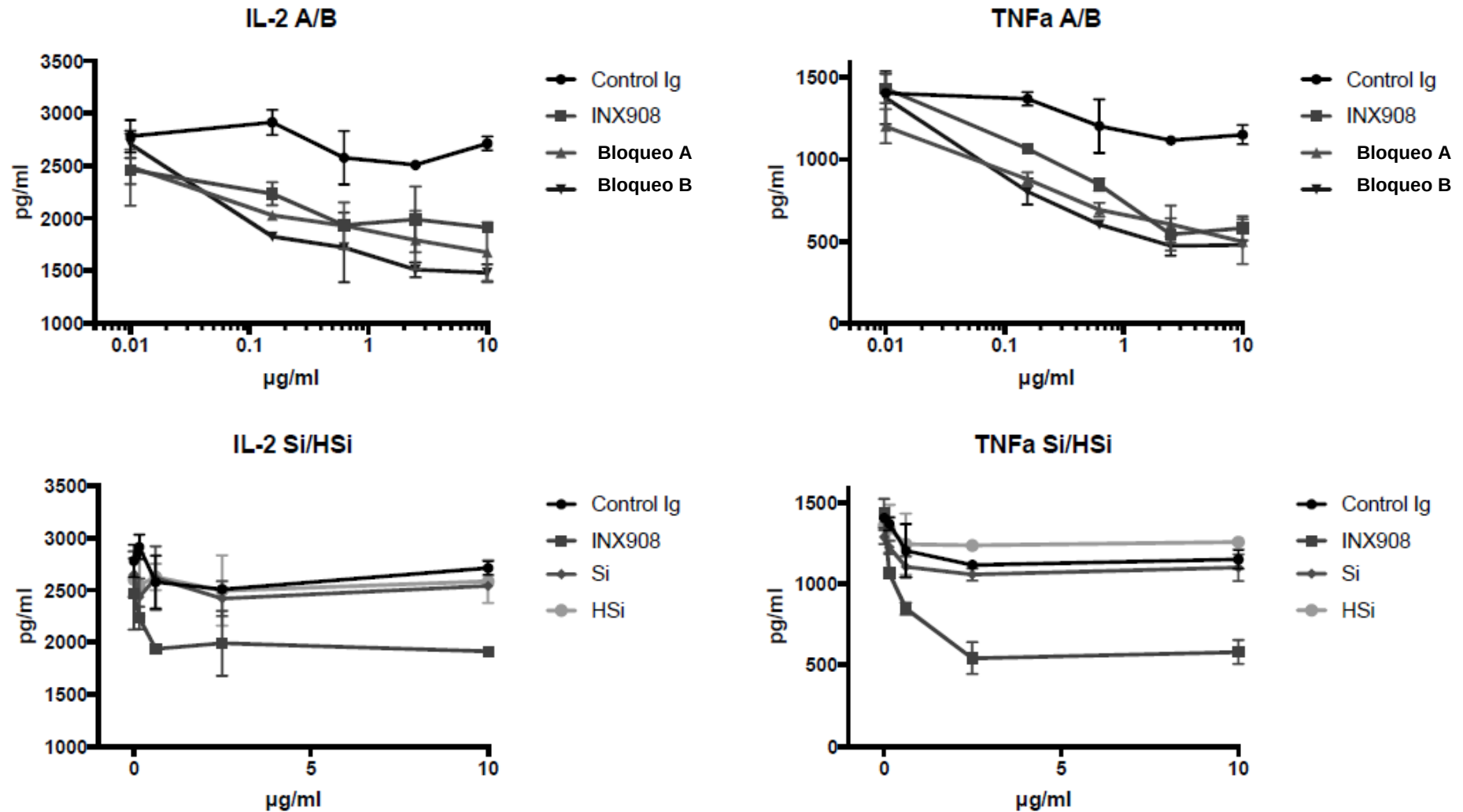


Figura 15: Formas INX908 bloqueadas genéticamente todavía pueden reducir la producción de citoquina en MLR pero las variantes silenciosas de Fc no.



SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT: 800.176.089-2

COMPROBANTE DE RECAUDO SISTEMA SIPI

Radicado: NC2022/0001817
Recibo: 23-148878
Fecha: 08/02/2023

CAROLINA MERCEDES DAZA MONTALVO
CC: 66.783.790
Pago PSE No: 790939
CUS: 1907832800

Patente PCT
ANTICUERPOS ANTI-VISTA HUMANO AGONISTAS Y COMPOSICIONES QUE CONTIENEN LOS MISMOS

Detalle del pago

Id.	Rentístico	Concepto y Servicio	Cant.	Val. Unit.	Subtotal
1	50005-01-03	Modificaciones / Correcciones al registro Patente PCT (DESCUENTO INTERNET)	1	\$ 196,000	\$ 196,000
TOTAL					\$ 196,000