

REIVINDICACIONES

1. Un dominio de unión a la cadena pesada de la neurotoxina botulínica (BoNT) (H_C/TAB) que tiene un extremo N-terminal (H_{CN}) y un extremo C-terminal (H_{CC}), en donde el H_C/TAB comprende:

a) un sitio de unión al receptor de sinaptotagmina (Syt) y

b) un sitio de unión al receptor de vesícula sináptica 2 asociada (SV2) y

c) un sitio de unión al receptor de gangliósido (Gang),

donde el H_C/TAB incluye una secuencia de aminoácidos de SEQ. ID. No. 1;

y en donde dicho H_C/TAB está adaptado para unirse sinérgicamente a un receptor de sinaptotagmina (Syt), un receptor de vesícula sináptica 2 asociada (SV2) y un receptor de gangliósido (Gang).

2. El H_C/TAB de acuerdo con la reivindicación 1, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de Gang se originan a partir de cualquier serotipo de BoNT de unión al receptor de Gang y sus subtipos.

3. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 o 2, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de Syt se originan a partir de cualquier serotipo de BoNT de unión al receptor de Syt y sus subtipos.

4. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-3, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de SV2 se originan a partir de cualquier serotipo de BoNT de unión al receptor de SV2 y sus subtipos.

5. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-4, en donde la secuencia H_{CN} se origina a partir de cualquier serotipo de BoNT de unión al receptor de SV2 y sus subtipos.

6. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-5, caracterizado porque el dominio H_{CC} está compuesto indistintamente de secuencias a partir del serotipo de BoNT A (BoNT/A) y del serotipo de BoNT B (BoNT/B).

7. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-6, caracterizado porque dicho extremo H_{CC} está compuesto de acuerdo con una secuencia $A_1B_1A_2B_2A_3$, en donde A indica una secuencia a partir de BoNT/A y B indica una secuencia a partir de BoNT/B.

8. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-7, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de Gang se originan a partir de BoNT/B.
- 5 9. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de la reivindicación 7, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de Gang están ubicadas en B₂.
10. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-9, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de Syt se originan a partir de BoNT B, DC o G.
- 10 11. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 7 o 9, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de Syt están ubicadas en B₁ y B₂.
12. El H_CTAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-11, en donde la secuencia
- 15 H_{CN} se origina a partir de BoNT/A.
13. El H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 7, 9 u 11, en donde las secuencias que forman el sitio de unión al receptor de SV2 están ubicadas en H_{CN} y en A₁ y A₃ en el H_{CC}.
- 20 14. Un polipéptido que comprende el H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-13, acoplado a una o más de una proteína, polipéptido, secuencia de aminoácidos o sonda fluorescente, directamente o a través de un enlazador.
- 25 15. El polipéptido de acuerdo con la reivindicación 14, en donde dicho polipéptido es un polipéptido de BoNT (BoNT/TAB), caracterizado porque dicho BoNT/TAB además del H_C/TAB comprende un dominio de translocación de cadena pesada (H_N), una cadena ligera (LC) y un sitio de proteasa colocado entre LC y H_N en la secuencia polipeptídica, en donde el H_N y la LC, respectivamente e independientemente entre sí, se originan a partir de cualquiera de los serotipos de
- 30 BoNT A, B, C, D, DC, E, En, F, G o X y sus subtipos.

16. El polipéptido de acuerdo con la reivindicación 15, que comprende además cualquier otra proteína, polipéptido, secuencia de aminoácidos o sonda fluorescente, enlazada a la misma, directamente o a través de un enlazador.
- 5 17. El polipéptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 15 o 16, en donde el sitio de proteasa es un sitio de exoproteasa.
18. El polipéptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 14-17, que tiene una secuencia de aminoácidos de cualquier de la SEQ. ID. No.3, la SEQ. ID. No. 5, la SEQ. ID. No. 6,
10 la SEQ. ID. No. 8, la SEQ. ID. No. 10 o la SEQ. ID. No. 12.
19. Un vector que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-13 o el polipéptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 14-18.
- 15 20. Un vector de acuerdo con la reivindicación 19, que comprende una secuencia de ácido nucleico de cualquiera de la SEQ. ID. No. 4, la SEQ. ID. No. 7, la SEQ. ID. No. 9, la SEQ. ID. No. 11 o la SEQ. ID. No. 13.
- 20 21. Una composición farmacéutica o cosmética que comprende el H_C/TAB de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-13 o el polipéptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 13-18.