

Información del Listado de secuencias:

Versión DTD: V1_3

Nombre del archivo: PCT-SequenceListing_ISB2001-01-PC00_es-CO.txt

Nombre del software: WIPO Sequence

Versión del software: 2.3.0

Fecha de producción: 8-11-2024

Información general:

Solitud actual / Oficina de IP: EP

Solicitud actual / Referencia del archivo del solicitante: ISB2001-01-PC00

Solicitud de prioridad más temprana / Oficina de IP: EP

Solicitud de prioridad más temprana / Número de solicitud: EP22172090.7

Solicitud de prioridad más temprana/ Fecha de presentación: 06-05-2022

Nombre del solicitante: Ichnos Sciences SA

Nombre del solicitante / Idioma: es

Invention title: CD3/BCMA/CD38 Trispecific Antibodies (en)

Título de la invención: Anticuerpos trispecíficos CD3/BCMA/CD38 (es)

Cantidad total de secuencias: 729

Secuencias:

Número de secuencia (ID): 1

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..214

> note, >SEQ ID NO: 1 - Vk35 /Jk1 Light Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 1 - Cadena ligera de Vk35/Jk1

- source, 1..214

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCRASQSVS SNLAWYQQKP GQAPRLIYG ASTRATGIPA 60
RFSGSGSGTE FTLTISSLQS EDFAVYYCQQ YNNWPWTFGQ GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP 120
SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 180
LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEK 214

Número de secuencia (ID): 2

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 2 - anti-CD3-UCP02-A3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 2 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP02-A3

- source, 1..451

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTFR RYYMTWVRQA PGKGLEWVSV IFPQGGTSYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVHD VLDDVEWFDH WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTC PPCPAPEAAG 240

GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 3

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 3 - anti-CD3-UCP02-B2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 3 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP02-B2

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS HYVLNWVRQA PGKGLEWVSG ISLTGIATYI 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARGD PTSAFDVWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTPPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 4

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 4 - anti-CD3-UCP02-D2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 4 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP02-D2

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFN KAWMGWVRQA PGKGLEWVGR IKSVDGGIT 60
VYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCAR VTARYYYFDN WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP VLDSGDGSFFL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451
```

Número de secuencia (ID): 5

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 5 - anti-CD3-UCP02-F2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 5 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP02-F2

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGLKVS GNYMNWVRQA PGKGLEWVSV IYSDGQTYYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARDPY YLGPFDIWGQ GTLTVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 6

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 6 - anti-CD3-UCP02-H2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 6 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP02-H2

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTVS GYYMHWVRQA PGKGLEWVSI IYVDGRTEYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARASY AGPFDYWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPCPP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK                                     447
```

Número de secuencia (ID): 7

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 7 - anti-CD3-UCP03-A3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 7 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-A3

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SNAMSWVRQA PGKGLEWVSA VGKYGGATSY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARGG PGYSTFYED NWGQGTTLTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 8

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 8 - anti-CD3-UCP03-A4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 8 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-A4

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTVS GNYMTWVRQA PGKGLEWVSL IYTDGRTLVA 60

DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVSW SYGPFDIWGQ GTLTVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 9

Longitud: 446

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..446

> note, >SEQ ID NO: 9 - anti-CD3-UCP03-B1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 9 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-B1

- source, 1..446

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS RYAMTWVRQA PGKGLEWVSG ISKYGGATAY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARGG TRFDIWGQGT LTVSSASTK 120
GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 180
LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA PEAAGGPSVF 240
LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300

VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVS NKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL PPSRDELTKN 360
QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESN GQPENNY KTT PPVLDS DGSFFLYSKLT VDKSRWQQGN 420
VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Número de secuencia (ID): 10

Longitud: 454

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..454

> note, >SEQ ID NO: 10 - anti-CD3-UCP03-C1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 10 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-C1

- source, 1..454

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS QYAMSWVRQA PGKGLEWVSV ISPSGATAVY 60
ADSVKGRFTI SRD NSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARGQ YDDLDKSGYE FDHWGQGTLV 120
TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV 180
LQSSGLYSLS SVVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKV DK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE 240
AAGGPSVFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE 300
EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP 360
SRDELTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDS DGSFFLYSKLTVD 420
KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK 454

Número de secuencia (ID): 11

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 11 - anti-CD3-UCP03-C3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 11 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-C3

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGLFS SYTISWVRQA PGQGLEWMGG IIPNTGSSYY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDR YSVLDIWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLDL DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447
```

Número de secuencia (ID): 12

Longitud: 450

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..450

> note, >SEQ ID NO: 12 - anti-CD3-UCP03-C5 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 12 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-C5

- source, 1..450

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTVS DNDMSWVRQA PGKGLEWVSL IYSNGGTHYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARWGI SLGEPYFDYW GQGTLTVTVSS 120
ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 180
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAGG 240
PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSRDE 360
LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 420
QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Número de secuencia (ID): 13

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 13 - anti-CD3-UCP03-E1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 13 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-E1

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS QYAMNWVRQA PGKGLEWVSA ISRKGGSTIY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAG YISGDSAAFD VWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGGSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 14

Longitud: 450

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..450

> note, >SEQ ID NO: 14 - anti-CD3-UCP03-E2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 14 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-E2

- source, 1..450

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGISVG NNYMSWVRQA PGKGLEWVSV IYPNGRIKYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARGVI DGSYLDFAIW GQGTLLTVSS 120
ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 180
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAGG 240
PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVDVDS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSRDE 360
LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 420
QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Número de secuencia (ID): 15

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 15 - anti-CD3-UCP03-E4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 15 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-E4

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTVS GYYMSWVRQA PGKGLEWVSV IGGAGQTDYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCAREPW HTGPFDYWGQ GTLLTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180

YLSVVTVTP SSSLTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 16

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 16 - anti-CD3-UCP03-F1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 16 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-F1

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFPFS HHVMTWVRQA PGKGLEWVSA ITQRGEYTLV 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARGP VPGGDHAFDY WGQGTLLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR 420

WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K

451

Número de secuencia (ID): 17

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 17 - anti-CD3-UCP03-F2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 17 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-F2

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFAFS HYAMTWVRQA PGKGLELVSA ISQHGGYTAY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARGH PVHAFDFWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 18

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 18 - anti-CD3-UCP03-F4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 18 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-F4

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTFS DNYMSWVRQA PGKGLEWVSV IYSQGRTFYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARIPY RPSVYKDVWG QGTLVTVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVLQSSG 180
LYSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPAAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLNISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Número de secuencia (ID): 19

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 19 - anti-CD3-UCP03-G2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 19 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-G2

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYGFN LYAINWVRQA PGQGLEWMGR IPEYGHTRY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDR YSTYSGGMDY WGQGTTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 20

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 20 - anti-CD3-UCP03-G3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 20 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-G3

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVLLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGFFR YYAISWVRQA PGQGLEWMGG IIPVTGSTHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDR FGAFDYWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLDSDGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSV MHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Número de secuencia (ID): 21

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 21 - anti-CD3-UCP03-G4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 21 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-G4

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNFD DYAMSWVRQA PGKGLEWVSI ISHKGDFTSY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVL LGDFFDVWGQ GTLTVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKHTCPCPPA PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 22

Longitud: 446

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..446

> note, >SEQ ID NO: 22 - anti-CD3-UCP03-H2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 22 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-H2

- source, 1..446

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTVR DSYMHWVRQA PGKGLEWVSI IYYTGKTHYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARSQY GYFDYWGQGT LTVTVSSASTK 120
GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 180
LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KHTCPCPPA PEAAGGPSVF 240
LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300

VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVS NKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL PPSRDELTKN 360
QVSLTCLVKG FYP SDIAVEW ESN GQPENNY K TTPPVLDSD GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN 420
VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Número de secuencia (ID): 23

Longitud: 445

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..445

> note, >SEQ ID NO: 23 - anti-CD3-UCP03-H3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),& & > Sec. con núm. de ident.: 23 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP03-H3

- source, 1..445

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFTVR DTYMSWVRQA PGKGLEWVSI IYGHGKTTYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARGYQ LFDIWGQGTL VTVSSASTKG 120
PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL 180
SSVTVPSST LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP EAAGGPSVFL 240
FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV 300
VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYTLP PSRDELTKNQ 360
VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKS R WQQGNV 420
FSCSVMHEAL HNHYTQKSL S LSPGK 445

Número de secuencia (ID): 24

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 24 - anti-CD3-UCP05-A1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 24 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-A1

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS TYAMSWVRQA PGKGLELVSA ISRHGGFSRY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAS SYGYDPWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVVTGPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLDG DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447
```

Número de secuencia (ID): 25

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 25 - anti-CD3-UCP05-A2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 25 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-A2

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFSFK IYAMGWVRQA PGKGLEWVSA ITQQGGATVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARPG DLGGGFDIWG QGTLVTVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG 180
LYSLSSVVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Número de secuencia (ID): 26

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 26 - anti-CD3-UCP05-C1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 26 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-C1

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGRFS RQALTWVRQA PGQGLEWMGG IIPDHGRPIY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGK GGSVAGWKFD VWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGGSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 27

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 27 - anti-CD3-UCP05-D1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 27 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-D1

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFN QYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISQFGGYTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARHG RLSHDDYAFD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 28

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 28 - anti-CD3-UCP05-D2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 28 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-D2

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFN IYALGWVRQA PGKGLEWVSA ISQNGGYTLY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARLR GGSGMDVWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180

YLSVSVTV P SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPSPRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 29

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 29 - anti-CD3-UCP05-F1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 29 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-F1

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFR HYAMTWVRQA PGKGLEWVSA ITQRGGYTTY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAG PSGGGFDYWG QGTLTVVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG 180
YLSVSVTV P SSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420

QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK

449

Número de secuencia (ID): 30

Longitud: 458

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..458

> note, >SEQ ID NO: 30 - anti-CD3-UCP05-G2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 30 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-G2

- source, 1..458

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGVFN FYAISWVRQA PGQGLEWMGG ITPDGGFVKY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSP VSLYYGKYYV YYGAFDVWGQ 120
GTLTVVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT 180
FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC 240
PAPEAAGGPS VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT 300
KPREEQYNST YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 360
TLPPSRDELT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK 420
LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 458

Número de secuencia (ID): 31

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 31 - anti-CD3-UCP05-H1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 31 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-H1

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFAFS NSAMSWVRQA PGKGLELVSA ISTKGGKTLY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSS PYGFDYWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSV MHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Número de secuencia (ID): 32

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 32 - anti-CD3-UCP05-H2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 32 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP05-H2

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGGFS HYALNWVRQA PGQGLEWMGG IIPLTGKTAY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARKI SSARDYWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELT 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLD SGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Número de secuencia (ID): 33

Longitud: 455

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..455

> note, >SEQ ID NO: 33 - anti-CD3-UCP06-A1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 33 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP06-A1

- source, 1..455

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGHFR GYGISWVRQA PGQGLEWMGE IIPRGFTIY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGS YVDSSYYYYD GFDVWGQGT 120
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA 180
VLQSSGLYSL SSVVTPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP 240
EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR 300
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYTL 360
PSRDELTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV 420
DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPGK 455

Número de secuencia (ID): 34

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 34 - anti-CD3-UCP06-C1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 34 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP06-C1

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG IIPKGGYAEY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 35

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 35 - anti-CD3-UCP07-A1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 35 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-A1

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DYAVNWVRQA PGKGLEWVGR IKSNEG GTG 60
YAAPVKGRFT ISRDDSKNTL YLQMNSLKTE DTAVYYCARE PSYRDGAAD YWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300

YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSDGSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 36

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 36 - anti-CD3-UCP07-A3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 36 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-A3

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGVSR EYVMAWVRQA PGKGLEWVSV ISQYGGNTYY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSG GSVFPDYWGQ GTLTVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTPPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 37

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 37 - anti-CD3-UCP07-A4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 37 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-A4

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGSTFR RYVMGWVRQA PGKGLEWVSA ISQQGGYTTY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSS SSAFDVWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVVTGPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APEAAGGPSV 240
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK 360
NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLDG DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 420
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447
```

Número de secuencia (ID): 38

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 38 - anti-CD3-UCP07-B2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 38 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-B2

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFDFG KAWMAWVRQA PGKGLEWVGR IKSDFKGGDT 60
IYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCAR GRSRGVSEFD YWGQGTLLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 39

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 39 - anti-CD3-UCP07-B3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 39 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-B3

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFDN AAWMTWVRQA PGKGLEWVGR IKSEKNGGKS 60
VYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCAR GGRLSSYFDP WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPPP VLDSGDSFLL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 40

Longitud: 458

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..458

> note, >SEQ ID NO: 40 - anti-CD3-UCP07-B4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 40 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-B4

- source, 1..458

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGRFS RYVINWVRQA PGQGLEWMGR IPIFGTANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDT SYRVRGYGY SWSYFDIWGQ 120
GTLTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT 180
FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHCPPC 240
PAPEAAGGPS VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT 300
KPREEQYNST YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 360
TLPPSRDELT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK 420
LTVDKSRWQQ GNVFSCVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 458

Número de secuencia (ID): 41

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 41 - anti-CD3-UCP07-C3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 41 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-C3

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS RYAIGWVRQA PGQGLEWMGG IIPDVGIAFY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAREY HYVGAFDIWG QGTLTVTVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFAVLQSSG 180

LYSLSSVVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Número de secuencia (ID): 42

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 42 - anti-CD3-UCP07-D1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 42 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-D1

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNFN INVMSWVRQA PGKGLEWVSA ISQSGGYTLY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAS PYGGGFDYWG QGTLVTVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG 180
LYSLSSVVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420

QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK

449

Número de secuencia (ID): 43

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 43 - anti-CD3-UCP07-D2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 43 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-D2

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFD RDVMGWVRQA PGKGLEWVSA ISIRGGKTLY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSS SARTDVFPDV WGQGTLLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPPP VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 44

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 44 - anti-CD3-UCP07-E1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 44 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-E1

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS RNAMNWVRQA PGKGLEWVSS ISRIGGFTIY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVG SGGKAFDVWG QGTLTVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVLQSSG 180
LYSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPAAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLNISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Número de secuencia (ID): 45

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 45 - anti-CD3-UCP07-E2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 45 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-E2

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFPFS NYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISRKGGFTEY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAS YLGGFAYWGQ GTLTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 46

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 46 - anti-CD3-UCP07-F2 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 46 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-F2

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFN KYVIGWVRQA PGQGLEWMGG VIPLKGQSKY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGR YYGDYSWKFD YWGQGTTLTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVSV LTVLHQDWLN GKEYCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 47

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 47 - anti-CD3-UCP07-F3 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 47 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-F3

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNFS GHAVGWVRQA PGKGLEWVSA ISQNGGYTLY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAA SYGLDYALDI WGQGTSLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 48

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 48 - anti-CD3-UCP07-H1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 48 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP07-H1

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFAFS KYAMHWVRQA PGKGLEWVSG ISQSGGYTLY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSH RYSAFDYWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300

YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 49

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 49 - anti-CD3-UCP08-B1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 49 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-UCP08-B1

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGPSS HAISWVRQAP GQGLEWMGGI IPRSGKTYYA 60
QKFQGRVTIT ADESTSTAYM ELSSLRSEDV AVYYCARGPY GRYPDYLFDY WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCPAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 360
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 50

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 50 - anti-CD3-C1-UCP01-B6 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 50 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-B6

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPYQGYASY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 51

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 51 - anti-CD3-C1-UCP01-B9 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 51 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-B9

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INAPVVRSP 60
YAQKFQGRVT ITADESTSTA YMESSLRSE DTAVYYCARY GYSLYMDIWG QGTLVTVSSA 120
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTWSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG 180
LYSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 240
SVFLFPPKPK DTLNISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Número de secuencia (ID): 52

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 52 - anti-CD3-C1-UCP01-C11 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 52 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-C11

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPHVGAPEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 53

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, SEQ ID NO: 53 - anti-CD3-C1-UCP01-D1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),Sec. con núm. de ident.: 53 - Cadena pesada de IgG1 LALA anti-CD3-C1-

UCP01-D1

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPLSDEAQY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 54

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 54 - anti-CD3-C1-UCP01-D4 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 54 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-D4

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPIRGRPSY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180

YLSVVVTVTP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 55

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 55 - anti-CD3-C1-UCP01-D6 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 55 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-D6

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YLSVVVTVTP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420

GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK

448

Número de secuencia (ID): 56

Longitud: 449

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..449

> note, >SEQ ID NO: 56 - anti-CD3-C1-UCP01-E6 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 56 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-E6

- source, 1..449

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITPPHVGIAD 60

YAKKFQGRVT ITADESTSTA YMEISSLRSE DTAVYYCARY GYSLYMDIWG QGTLVTVSSA 120

STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG 180

LYSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 240

SVFLFPPKPK DTLNISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300

TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSRDEL 360

TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ 420

QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK

449

Número de secuencia (ID): 57

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 57 - anti-CD3-C1-UCP01-E7 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 57 - Cadena pesada de IgG1 LALA anti-CD3-C1-UCP01-E7

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPHLGEAEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 58

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 58 - anti-CD3-C1-UCP01-E10 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 58 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-E10

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPFEGTPAY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 59

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 59 - anti-CD3-C1-UCP01-E11 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 59 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-E11

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPFKGDAEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKHTCPCP PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 60

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 60 - anti-CD3-C1-UCP01-E12 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 60 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-E12

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPLVGHA EY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 61

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 61 - anti-CD3-C1-UCP01-F1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 61 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-F1

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPRLGQAEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300

YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTPPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 62

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 62 - anti-CD3-C1-UCP01-F10 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 62 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-F10

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPHIRFPEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTPPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 63

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 63 - anti-CD3-C1-UCP01-F12 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 63 - Cadena pesada de IgG1 LALA anti-CD3-C1-UCP01-F12

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPFRGHA EY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 64

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 64 - anti-CD3-C1-UCP01-G12 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 64 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-G12

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAK VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPHIGHPEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 65

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 65 - anti-CD3-C1-UCP01-H9 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 65 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-H9

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPHVGYAEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 66

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 66 - anti-CD3-C1-UCP01-H10 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 66 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP01-H10

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPLVGPQY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 67

Longitud: 448

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..448

> note, >SEQ ID NO: 67 - anti-CD3-C1-UCP02-E1 IgG1 LALA Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 67 - Cadena pesada de IgG1 LALA
anti-CD3-C1-UCP02-E1

- source, 1..448

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPFKGYAEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180

YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDELT 360
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 420
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Número de secuencia (ID): 68

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 68 - anti-BCMA-UCP01-A8 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 68 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-UCP01-A8

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGLFN YYIINWVRQA PGQGLEWMGG IIPTYGGAGY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSS PSISGYAFDV WGQGTLTVTS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 69

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 69 - anti-BCMA-UCP01-A10 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 69 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-UCP01-A10

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYVFS DHISWVRQA PGQGLEWMGG IIPHGGAPTY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDL FDYYPQGFDY WGQGTSLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 70

Longitud: 227

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..227

> note, >SEQ ID NO: 70 - anti-BCMA-UCP01-C2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 70 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-UCP01-C2

- source, 1..227

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFIFS QYDMSWVRQA PGKGLEWVSA ISLLGDFTSY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARRL TDYISGGGDG FDVWGQGTLV 120
TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV 180
LQSSGLYSL SVVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSC 227

Número de secuencia (ID): 71

Longitud: 228

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..228

> note, > SEQ ID NO: 71 - anti-BCMA-UCP01-E8 FAB Heavy Chain

> note(en),&&gt; Sec. con núm. de ident.: 71 - Cadena pesada de FAB de
anti-BCMA-UCP01-E8

- source, 1..228

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGQFS VQFISWVRQA PGQGLEWMGG IPTSGDTYY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSV VDLSYVTGY YMDIWGQGTL 120
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PTVSWNSGA LTSGVHTFPA 180
VLQSSGLYSL SSVVTPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSC 228

Número de secuencia (ID): 72

Longitud: 229

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..229

> note, >SEQ ID NO: 72 - anti-BCMA-UCP01-E9 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 72 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-UCP01-E9

- source, 1..229

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NYAMSWVRQA PGKGLEWVSV ISERGAVTVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YGYSSGVEGY FGFDVWGQGT 120
LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180
AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSC 229

Número de secuencia (ID): 73

Longitud: 218

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..218

> note, >SEQ ID NO: 73 - anti-BCMA-UCP01-F9 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 73 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-UCP01-F9

- source, 1..218

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYKFR TYAINWVRQA PGQGLEWMGG IVPISGETFY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARED YSDYWGQGTL VTVSSASTKG 120

PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL 180

SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSC 218

Número de secuencia (ID): 74

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 74 - anti-BCMA-PP02-A3 FAB Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 74 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP02-A3

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS QYAMSWVRQA PGKGLEWVSI ISQDGGVTVY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YGGGSYIPHD SWGQGTLVTV 120

SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180

SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC

225

Número de secuencia (ID): 75

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 75 - anti-BCMA-PP02-B4 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 75 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP02-B4

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NYDMSWVRQA PGKGLEWVSA ISVSGDFTQY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVG YYLLDSAFDI WGQGTTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 76

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 76 - anti-BCMA-PP02-C2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 76 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP02-C2

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGHFS SYAISWVRQA PGQGLEWMGG IIPQHGVP SY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARVL ITVDGSYGGF DYWGQGT LVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKD YFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 77

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 77 - anti-BCMA-PP02-C4 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 77 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP02-C4

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT AYDMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGFGGDTLY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARIG YYLDSAFDY WGQGLTVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 78

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 78 - anti-BCMA-PP02-D3 FAB Heavy Chain

> note(en),&&Sec. con núm. de ident.: 78 - Cadena pesada de FAB de
anti-BCMA-PP02-D3

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQGGNTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGLTVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 79

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 79 - anti-BCMA-PP02-E6 FAB Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 79 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP02-E6

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQNGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 80

Longitud: 231

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..231

> note, >SEQ ID NO: 80 - anti-BCMA-PP02-F1 FAB Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 80 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP02-F1

- source, 1..231

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGF5FS EYAMSWVRQA PGKGLEWVSA LSLSGDVTSY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSRVGDSYYY DYIGFDIWGQ 120
GTLTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT 180
FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS C 231

Número de secuencia (ID): 81

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 81 - anti-BCMA-PP03-C4 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 81 - Cadena pesada de FAB de
anti-BCMA-PP03-C4

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT AYDMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGFGGDTLY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARIG YYLDSAFDY WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 82

Longitud: 228

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..228

> note, >SEQ ID NO: 82 - anti-BCMA-PP03-E4 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 82 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-PP03-E4

- source, 1..228

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFALS YYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISEDGGRTSY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARAS AYIPYSEFYA GFDVWGQGTL 120
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA 180
VLQSSGLYSL SSVVTVPSST LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSC 228

Número de secuencia (ID): 83

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 83 - anti-BCMA-D3-MP03-G7 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 83 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP03-G7

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSI IGQRGHTTEY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 84

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 84 - anti-BCMA-D3-MP04-A2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 84 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-A2

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQQGGNTVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 85

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 85 - anti-BCMA-D3-MP04-B11a FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 85 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-B11a

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQVDGEVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGTTLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 86

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 86 - anti-BCMA-D3-MP04-B11b FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 86 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-B11b

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQVDAEVYA 60

DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 87

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 87 - anti-BCMA-D3-MP04-B11c FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 87 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-B11c

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQVEGEVYA 60

DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 88

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 88 - anti-BCMA-D3-MP04-B11d FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 88 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-B11d

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQVAAEVYA 60

DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGTTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 89

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 89 - anti-BCMA-D3-MP04-C2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 89 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-C2

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQFGGNTVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPVSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 90

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 90 - anti-BCMA-D3-MP04-C8a FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 90 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-C8a

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQMGFGTLY 60

ADNVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 91

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 91 - anti-BCMA-D3-MP04-C8b FAB Heavy Chain

> note(en),&&Sec. con núm. de ident.: 91 - Cadena pesada de FAB de
anti-BCMA-D3-MP04-C8b

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQIGFGTLY 60
ADNVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 92

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 92 - anti-BCMA-D3-MP04-D4 FAB Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 92 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-D4

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQVGGNTVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 93

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 93 - anti-BCMA-D3-MP04-E11 FAB Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 93 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-E11

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQLGGNTVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 94

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 94 - anti-BCMA-D3-MP04-F3 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 94 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-F3

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQVGNTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 95

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 95 - anti-BCMA-D3-MP04-G7 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 95 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP04-G7

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQRDGTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYSGYSGADI WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 96

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 96 - anti-BCMA-D3-MP05-A9 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 96 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP05-A9

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQGGNTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYAGYSGADI WGQGTLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 97

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 97 - anti-BCMA-D3-MP05-C1a FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 97 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP05-C1a

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQGGNTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYMGYAGADI WGQGTLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 98

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 98 - anti-BCMA-D3-MP05-C1b FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 98 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP05-C1b

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQGGNTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYIGYAGADI WGQGTSLTVTS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 99

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 99 - anti-BCMA-D3-MP05-F4 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 99 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-D3-MP05-F4

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQGGNTVYA 60
DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARVPY SYLGYYGADI WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 100

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, > SEQ ID NO: 100 - anti-BCMA-E6-PP02-A3 FAB Heavy Chain

> note(en),> Sec. con núm. de ident.: 100 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-A3

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISSQNDITKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC

226

Número de secuencia (ID): 101

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 101 - anti-BCMA-E6-PP02-B1 FAB Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 101 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-B1

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST VSQAGYDTKY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC

226

Número de secuencia (ID): 102

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 102 - anti-BCMA-E6-PP02-B4 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 102 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-B4

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQPGFDAKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 103

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 103 - anti-BCMA-E6-PP02-C7 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 103 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-C7

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQSGLVPKY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 104

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 104 - anti-BCMA-E6-PP02-D2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 104 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-D2

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQQNEQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 105

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 105 - anti-BCMA-E6-PP02-E6 FAB Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 105 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-E6

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQAGRDFKY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLV 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 106

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 106 - anti-BCMA-E6-PP02-F7 FAB Heavy Chain

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 106 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-F7

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IGQRGFQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 107

Longitud: 227

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..227

> note, >SEQ ID NO: 107 - anti-BCMA-E6-PP02-G2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 107 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-G2

- source, 1..227

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVGT ISQSVGQVVK 60
YADSVKGRFT ISRDNSKNTL YLQMNSLRAE DTAVYYCARS PYSYLHGYYG FDYWGQGTLV 120
TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV 180
LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSC 227

Número de secuencia (ID): 108

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 108 - anti-BCMA-E6-PP02-G6 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 108 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-G6

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLV 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 109

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 109 - anti-BCMA-E6-PP02-G7 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 109 - Cadena pesada de FAB de anti-BCMA-E6-PP02-G7

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQQWDVTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLV 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 110

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 110 - anti-CD38-UCP03-B3 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 110 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-B3

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IPTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTSLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 111

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 111 - anti-CD38-UCP01-E2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 111 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP01-E2

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPVFGSAHY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 112

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 112 - anti-CD38-B3-PP11-A2 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 112 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-A2

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGQTPP MYSISWVRQA PGQGLEWMGR IPTGANANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 113

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 113 - anti-CD38-B3-PP11-C11 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 113 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-C11

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IPTGANANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARST PTYGSWFDI WGQGTTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 114

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 114 - anti-CD38-B3-PP11-D1a FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 114 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-D1a

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGMQTR WYSISWVRQA PGQGLEWMGR IPTGANANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 115

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 115 - anti-CD38-B3-PP11-D1b FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 115 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-D1b

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGIQTR WYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGLTVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 116

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 116 - anti-CD38-B3-PP11-D11a FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 116 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-D11a

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PILGNGWFDI WGQGTSLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 117

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 117 - anti-CD38-B3-PP11-E1 FAB Heavy Chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 117 - Cadena pesada de FAB de
anti-CD38-B3-PP11-E1

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGQHKR VYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTSLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 118

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 118 - anti-CD38-B3-PP11-E11 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 118 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-E11

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSYGKGWFDI WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 119

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 119 - anti-CD38-B3-PP11-H1a FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 119 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-H1a

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGQNER MYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 120

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

- > note, >SEQ ID NO: 120 - anti-CD38-B3-PP11-H10 FAB Heavy Chain

- > note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 120 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-B3-PP11-H10

- source, 1..224

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PHYGSGWFDI WGQGTTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 121

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 121 - anti-CD38-E2-UCP01-A10 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 121 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP01-A10

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGLPDA TYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPVFGSAHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 122

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 122 - anti-CD38-E2-UCP02-A5 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 122 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP02-A5

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPDLGAAHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 123

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 123 - anti-CD38-E2-UCP02-D6 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 123 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP02-D6

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPRLDAEHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 124

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 124 - anti-CD38-E2-UCP02-E7 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 124 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP02-E7

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPALAATHY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 125

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 125 - anti-CD38-E2-UCP02-F3 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 125 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP02-F3

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPVLDAAHY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTSLT 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 126

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 126 - anti-CD38-E2-UCP02-F8 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 126 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP02-F8

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPSLDAGHY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTSLT 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC

226

Número de secuencia (ID): 127

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 127 - anti-CD38-E2-UCP02-G8 FAB Heavy Chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 127 - Cadena pesada de FAB de anti-CD38-E2-UCP02-G8

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPALGGVHY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC

226

Número de secuencia (ID): 128

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 128 - anti-CD3-UCP02-A3 CDRH1

A3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 128 - CDRH1 de anti-CD3-UCP02-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFRRYYMT

10

Número de secuencia (ID): 129

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 129 - anti-CD3-UCP02-B2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 129 - CDRH1 de anti-CD3-UCP02-

B2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSHYVLN

10

Número de secuencia (ID): 130

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 130 - anti-CD3-UCP02-D2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 130 - CDRH1 de anti-CD3-UCP02-

D2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFNKAWMG

10

Número de secuencia (ID): 131

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 131 - anti-CD3-UCP02-F2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 131 - CDRH1 de anti-CD3-UCP02-

F2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GLKVSGNYMN

10

Número de secuencia (ID): 132

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 132 - anti-CD3-UCP02-H2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 132 - CDRH1 de anti-CD3-UCP02-

H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTVSGYYMH

10

Número de secuencia (ID): 133

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 133 - anti-CD3-UCP03-A3 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 133 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSSNAMS 10

Número de secuencia (ID): 134

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 134 - anti-CD3-UCP03-A4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 134 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

A4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTVSGNYMT 10

Número de secuencia (ID): 135

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 135 - anti-CD3-UCP03-B1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 135 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSRYAMT

10

Número de secuencia (ID): 136

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 136 - anti-CD3-UCP03-C1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 136 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

C1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSQYAMS

10

Número de secuencia (ID): 137

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 137 - anti-CD3-UCP03-C3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 137 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGLFSSYTIS

10

Número de secuencia (ID): 138

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 138 - anti-CD3-UCP03-C5 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 138 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

C5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTVSDNDMS

10

Número de secuencia (ID): 139

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 139 - anti-CD3-UCP03-E1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 139 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

E1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSQYAMN

10

Número de secuencia (ID): 140

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 140 - anti-CD3-UCP03-E2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 140 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

E2

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISVGNNYMS 10

Número de secuencia (ID): 141

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 141 - anti-CD3-UCP03-E4 CDRH1
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 141 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

E4

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTVSGYYMS 10

Número de secuencia (ID): 142

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 142 - anti-CD3-UCP03-F1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 142 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFPFSHHVMT

10

Número de secuencia (ID): 143

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 143 - anti-CD3-UCP03-F2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 143 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

F2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFAFSHYAMT

10

Número de secuencia (ID): 144

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 144 - anti-CD3-UCP03-F4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 144 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

F4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSDNYMS

10

Número de secuencia (ID): 145

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 145 - anti-CD3-UCP03-G2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 145 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

G2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GYGFNLYAIN 10

Número de secuencia (ID): 146

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 146 - anti-CD3-UCP03-G3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 146 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

G3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGFFRYYAIS 10

Número de secuencia (ID): 147

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 147 - anti-CD3-UCP03-G4 CDRH1

G4

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 147 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFNFDDYAMS

10

Número de secuencia (ID): 148

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 148 - anti-CD3-UCP03-H2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 148 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTVRDSYMH

10

Número de secuencia (ID): 149

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 149 - anti-CD3-UCP03-H3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 149 - CDRH1 de anti-CD3-UCP03-

H3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTVRDTYMS

10

Número de secuencia (ID): 150

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 150 - anti-CD3-UCP05-A1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 150 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

A1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSTYAMS

10

Número de secuencia (ID): 151

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 151 - anti-CD3-UCP05-A2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 151 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

A2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFSFKIYAMG

10

Número de secuencia (ID): 152

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 152 - anti-CD3-UCP05-C1 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 152 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

C1

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGRFSRQALT 10

Número de secuencia (ID): 153

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 153 - anti-CD3-UCP05-D1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 153 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFNQYAMS 10

Número de secuencia (ID): 154

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

D2

> note, >SEQ ID NO: 154 - anti-CD3-UCP05-D2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 154 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFNIYALG

10

Número de secuencia (ID): 155

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 155 - anti-CD3-UCP05-F1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 155 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFRHYAMT

10

Número de secuencia (ID): 156

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 156 - anti-CD3-UCP05-G2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 156 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

G2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGVFNFYAIS

10

Número de secuencia (ID): 157

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 157 - anti-CD3-UCP05-H1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 157 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFAFSNSAMS

10

Número de secuencia (ID): 158

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 158 - anti-CD3-UCP05-H2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 158 - CDRH1 de anti-CD3-UCP05-

H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGFSHYALN

10

Número de secuencia (ID): 159

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 159 - anti-CD3-UCP06-A1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 159 - CDRH1 de anti-CD3-UCP06-

A1

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGHFRGYGIS 10

Número de secuencia (ID): 160

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 160 - anti-CD3-UCP06-C1 CDRH1
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 160 - CDRH1 de anti-CD3-UCP06-

C1

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS 10

Número de secuencia (ID): 161

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 161 - anti-CD3-UCP07-A1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 161 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

A1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSDYAVN

10

Número de secuencia (ID): 162

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 162 - anti-CD3-UCP07-A3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 162 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GVSFREYVMA

10

Número de secuencia (ID): 163

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 163 - anti-CD3-UCP07-A4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 163 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

A4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GSTFRRYVMG

10

Número de secuencia (ID): 164

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 164 - anti-CD3-UCP07-B2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 164 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

B2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFDFGKAWMA 10

Número de secuencia (ID): 165

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 165 - anti-CD3-UCP07-B3 CDRH1

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 165 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

B3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFDFNAAWMT 10

Número de secuencia (ID): 166

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 166 - anti-CD3-UCP07-B4 CDRH1

B4

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 166 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGRFSRYVIN

10

Número de secuencia (ID): 167

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 167 - anti-CD3-UCP07-C3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 167 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFsRYAIG

10

Número de secuencia (ID): 168

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 168 - anti-CD3-UCP07-D1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 168 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFNFNINVMS

10

Número de secuencia (ID): 169

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 169 - anti-CD3-UCP07-D2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 169 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

D2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFDRDVMG

10

Número de secuencia (ID): 170

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 170 - anti-CD3-UCP07-E1 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 170 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

E1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSRNAMN

10

Número de secuencia (ID): 171

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 171 - anti-CD3-UCP07-E2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 171 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

E2

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFPFSNYAMS 10

Número de secuencia (ID): 172

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 172 - anti-CD3-UCP07-F2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 172 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

F2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFNKYVIG 10

Número de secuencia (ID): 173

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

F3

> note, >SEQ ID NO: 173 - anti-CD3-UCP07-F3 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 173 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFNFSGHAVG 10

Número de secuencia (ID): 174

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 174 - anti-CD3-UCP07-H1 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 174 - CDRH1 de anti-CD3-UCP07-

H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFAFSKYAMH 10

Número de secuencia (ID): 175

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 175 - anti-CD3-UCP08-B1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 175 - CDRH1 de anti-CD3-UCP08-

B1

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGPSSHAIS

9

Número de secuencia (ID): 176

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 176 - anti-CD3-C1-UCP01-B6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 176 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-B6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 177

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 177 - anti-CD3-C1-UCP01-B9 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 177 - CDRH1 de anti-CD3-C1-UCP01-B9

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 178

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 178 - anti-CD3-C1-UCP01-C11 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 178 - CDRH1 de anti-CD3-C1-UCP01-C11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 179

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 179 - anti-CD3-C1-UCP01-D1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 179 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 180

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 180 - anti-CD3-C1-UCP01-D4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 180 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-D4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 181

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 181 - anti-CD3-C1-UCP01-D6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 181 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-D6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 182

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 182 - anti-CD3-C1-UCP01-E6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 182 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-E6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 183

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 183 - anti-CD3-C1-UCP01-E7 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 183 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-E7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 184

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 184 - anti-CD3-C1-UCP01-E10 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 184 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-E10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 185

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 185 - anti-CD3-C1-UCP01-E11 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 185 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-E11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 186

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 186 - anti-CD3-C1-UCP01-E12 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 186 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-E12

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 187

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 187 - anti-CD3-C1-UCP01-F1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 187 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 188

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 188 - anti-CD3-C1-UCP01-F10 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 188 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-F10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 189

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 189 - anti-CD3-C1-UCP01-F12 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 189 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-F12

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 190

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 190 - anti-CD3-C1-UCP01-G12 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 190 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-G12

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS 10

Número de secuencia (ID): 191

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 191 - anti-CD3-C1-UCP01-H9 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 191 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-H9

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS 10

Número de secuencia (ID): 192

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 192 - anti-CD3-C1-UCP01-H10 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 192 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP01-H10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 193

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 193 - anti-CD3-C1-UCP02-E1 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 193 - CDRH1 de anti-CD3-C1-

UCP02-E1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 194

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 194 - anti-BCMA-UCP01-A8 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 194 - CDRH1 de anti-BCMA-

UCP01-A8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGLFNYYIIN

10

Número de secuencia (ID): 195

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 195 - anti-BCMA-UCP01-A10 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 195 - CDRH1 de anti-BCMA-

UCP01-A10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GYVFSDHIIS

10

Número de secuencia (ID): 196

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 196 - anti-BCMA-UCP01-C2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 196 - CDRH1 de anti-BCMA-UCP01-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSQYDMS

10

Número de secuencia (ID): 197

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 197 - anti-BCMA-UCP01-E8 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 197 - CDRH1 de anti-BCMA-UCP01-E8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGQFSVQFIS

10

Número de secuencia (ID): 198

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 198 - anti-BCMA-UCP01-E9 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 198 - CDRH1 de anti-BCMA-

UCP01-E9

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSNYAMS

10

Número de secuencia (ID): 199

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 199 - anti-BCMA-UCP01-F9 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 199 - CDRH1 de anti-BCMA-

UCP01-F9

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GYKFRTYAIN 10

Número de secuencia (ID): 200

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 200 - anti-BCMA-PP02-A3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 200 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSQYAMS 10

Número de secuencia (ID): 201

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 201 - anti-BCMA-PP02-B4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 201 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

B4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSNYDMS

10

Número de secuencia (ID): 202

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 202 - anti-BCMA-PP02-C2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 202 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGHFSSYAIS 10

Número de secuencia (ID): 203

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 203 - anti-BCMA-PP02-C4 CDRH1

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 203 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

C4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFTAYDMS 10

Número de secuencia (ID): 204

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 204 - anti-BCMA-PP02-D3 CDRH1

D3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 204 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 205

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 205 - anti-BCMA-PP02-E6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 205 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

E6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 206

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 206 - anti-BCMA-PP02-F1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 206 - CDRH1 de anti-BCMA-PP02-

F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFSFSEYAMS

10

Número de secuencia (ID): 207

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 207 - anti-BCMA-PP03-C4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 207 - CDRH1 de anti-BCMA-PP03-

C4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFTAYDMS

10

Número de secuencia (ID): 208

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 208 - anti-BCMA-PP03-E4 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 208 - CDRH1 de anti-BCMA-PP03-

E4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFALSYYAMS

10

Número de secuencia (ID): 209

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 209 - anti-BCMA-D3-MP03-G7 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 209 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-

MP03-G7

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN 10

Número de secuencia (ID): 210

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 210 - anti-BCMA-D3-MP04-A2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 210 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-A2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN 10

Número de secuencia (ID): 211

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 211 - anti-BCMA-D3-MP04-B11a CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 211 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-B11a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN 10

Número de secuencia (ID): 212

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 212 - anti-BCMA-D3-MP04-B11b CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 212 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-B11b

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN 10

Número de secuencia (ID): 213

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 213 - anti-BCMA-D3-MP04-B11c CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 213 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-B11c

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 214

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 214 - anti-BCMA-D3-MP04-B11d CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 214 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-B11d

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 215

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 215 - anti-BCMA-D3-MP04-C2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 215 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 216

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 216 - anti-BCMA-D3-MP04-C8a CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 216 - CDRH1 anti-BCMA-D3-MP04-C8a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 217

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 217 - anti-BCMA-D3-MP04-C8b CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 217 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-C8b

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 218

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 218 - anti-BCMA-D3-MP04-D4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 218 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-

MP04-D4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 219

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 219 - anti-BCMA-D3-MP04-E11 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 219 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-

MP04-E11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 220

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 220 - anti-BCMA-D3-MP04-F3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 220 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-F3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 221

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 221 - anti-BCMA-D3-MP04-G7 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 221 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP04-G7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 222

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 222 - anti-BCMA-D3-MP05-A9 CDRH1

MP05-A9
> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 222 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 223

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 223 - anti-BCMA-D3-MP05-C1a CDRH1

MP05-C1a > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 223 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN 10

Número de secuencia (ID): 224

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 224 - anti-BCMA-D3-MP05-C1b CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 224 - CDRH1 anti-BCMA-D3-

MP05-C1b

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN 10

Número de secuencia (ID): 225

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 225 - anti-BCMA-D3-MP05-F4 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 225 - CDRH1 de anti-BCMA-D3-MP05-F4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 226

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 226 - anti-BCMA-E6-PP02-A3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 226 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-PP02-A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 227

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 227 - anti-BCMA-E6-PP02-B1 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 227 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 228

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 228 - anti-BCMA-E6-PP02-B4 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 228 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-B4

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT 10

Número de secuencia (ID): 229

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 229 - anti-BCMA-E6-PP02-C7 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 229 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-C7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT 10

Número de secuencia (ID): 230

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 230 - anti-BCMA-E6-PP02-D2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 230 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-D2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 231

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 231 - anti-BCMA-E6-PP02-E6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 231 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-E6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 232

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 232 - anti-BCMA-E6-PP02-F7 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 232 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-F7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 233

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 233 - anti-BCMA-E6-PP02-G2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 233 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-

PP02-G2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 234

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 234 - anti-BCMA-E6-PP02-G6 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 234 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-PP02-G6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 235

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 235 - anti-BCMA-E6-PP02-G7 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 235 - CDRH1 de anti-BCMA-E6-PP02-G7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 236

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 236 - anti-CD38-UCP03-B3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 236 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-B3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS

10

Número de secuencia (ID): 237

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 237 - anti-CD38-UCP01-E2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 237 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP01-E2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG

10

Número de secuencia (ID): 238

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 238 - anti-CD38-B3-PP11-A2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 238 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-A2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GQTTPMYSIS

10

Número de secuencia (ID): 239

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 239 - anti-CD38-B3-PP11-C11 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 239 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-C11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS

10

Número de secuencia (ID): 240

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 240 - anti-CD38-B3-PP11-D1a CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 240 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-D1a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GMQTRWYSIS 10

Número de secuencia (ID): 241

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 241 - anti-CD38-B3-PP11-D1b CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 241 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-D1b

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIQTRWYSIS 10

Número de secuencia (ID): 242

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 242 - anti-CD38-B3-PP11-D11a CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 242 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-D11a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS 10

Número de secuencia (ID): 243

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 243 - anti-CD38-B3-PP11-E1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 243 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-E1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GQHKRVYSIS 10

Número de secuencia (ID): 244

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 244 - anti-CD38-B3-PP11-E11 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 244 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-E11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS

10

Número de secuencia (ID): 245

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 245 - anti-CD38-B3-PP11-H1a CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 245 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-H1a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GQNERMYIS

10

Número de secuencia (ID): 246

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 246 - anti-CD38-B3-PP11-H10 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 246 - CDRH1 de anti-CD38-B3-

PP11-H10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS

10

Número de secuencia (ID): 247

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 247 - anti-CD38-E2-UCP01-A10 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 247 - CDRH1 de anti-CD38-E2-

UCP01-A10

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GLPDATYAIG 10

Número de secuencia (ID): 248

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 248 - anti-CD38-E2-UCP02-A5 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 248 - CDRH1 de anti-CD38-E2-

UCP02-A5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFNYAIG 10

Número de secuencia (ID): 249

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 249 - anti-CD38-E2-UCP02-D6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 249 - CDRH1 de anti-CD38-E2-UCP02-D6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG 10

Número de secuencia (ID): 250

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 250 - anti-CD38-E2-UCP02-E7 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 250 - CDRH1 de anti-CD38-E2-UCP02-E7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG 10

Número de secuencia (ID): 251

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 251 - anti-CD38-E2-UCP02-F3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 251 - CDRH1 de anti-CD38-E2-

UCP02-F3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG

10

Número de secuencia (ID): 252

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 252 - anti-CD38-E2-UCP02-F8 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 252 - CDRH1 de anti-CD38-E2-

UCP02-F8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG

10

Número de secuencia (ID): 253

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 253 - anti-CD38-E2-UCP02-G8 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 253 - CDRH1 de anti-CD38-E2-UCP02-G8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG

10

Número de secuencia (ID): 254

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 254 - anti-CD3-UCP02-A3 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 254 - CDRH2 de anti-CD3-UCP02-A3

- source, 1..9
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

VIFPQGGTS 9

Número de secuencia (ID): 255

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 255 - anti-CD3-UCP02-B2 CDRH2
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 255 - CDRH2 de anti-CD3-UCP02-

B2

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISLTGIATI 10

Número de secuencia (ID): 256

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 256 - anti-CD3-UCP02-D2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 256 - CDRH2 de anti-CD3-UCP02-

D2

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIKSVTDGGI TV

12

Número de secuencia (ID): 257

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 257 - anti-CD3-UCP02-F2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 257 - CDRH2 de anti-CD3-UCP02-

F2

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VIYSDGQTY

9

Número de secuencia (ID): 258

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 258 - anti-CD3-UCP02-H2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 258 - CDRH2 de anti-CD3-UCP02-

H2

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

IIVVDGRTE

9

Número de secuencia (ID): 259

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 259 - anti-CD3-UCP03-A3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 259 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AVGKYGGATS 10

Número de secuencia (ID): 260

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 260 - anti-CD3-UCP03-A4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 260 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

A4

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

LIYTDGRTL 9

Número de secuencia (ID): 261

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 261 - anti-CD3-UCP03-B1 CDRH2

B1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 261 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISKYGGATA

10

Número de secuencia (ID): 262

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 262 - anti-CD3-UCP03-C1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 262 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

C1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VISPSGATAV

10

Número de secuencia (ID): 263

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 263 - anti-CD3-UCP03-C3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 263 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPNTGSSY

10

Número de secuencia (ID): 264

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 264 - anti-CD3-UCP03-C5 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 264 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

C5

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

LIYSNGGTH

9

Número de secuencia (ID): 265

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 265 - anti-CD3-UCP03-E1 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 265 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

E1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISRKGGSTI

10

Número de secuencia (ID): 266

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 266 - anti-CD3-UCP03-E2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 266 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

E2

- source, 1..9

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VIYPNGRIK 9

Número de secuencia (ID): 267

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 267 - anti-CD3-UCP03-E4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 267 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

E4

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VIGGAGQTD 9

Número de secuencia (ID): 268

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

F1

> note, >SEQ ID NO: 268 - anti-CD3-UCP03-F1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 268 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AITQRGEYTL

10

Número de secuencia (ID): 269

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 269 - anti-CD3-UCP03-F2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 269 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

F2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISQHGGYTA

10

Número de secuencia (ID): 270

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 270 - anti-CD3-UCP03-F4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 270 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

F4

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VIYSQGRTF

9

Número de secuencia (ID): 271

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 271 - anti-CD3-UCP03-G2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 271 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

G2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPEYGHTR

10

Número de secuencia (ID): 272

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 272 - anti-CD3-UCP03-G3 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 272 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

G3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPVTGSTH

10

Número de secuencia (ID): 273

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, > SEQ ID NO: 273 - anti-CD3-UCP03-G4 CDRH2

> note(en),&> Sec. con núm. de ident.: 273 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

G4

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

IISHKGDFTS 10

Número de secuencia (ID): 274

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9
 - > note, >SEQ ID NO: 274 - anti-CD3-UCP03-H2 CDRH2
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 274 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

H2

- source, 1..9
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

IYYTGKTH 9

Número de secuencia (ID): 275

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 275 - anti-CD3-UCP03-H3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 275 - CDRH2 de anti-CD3-UCP03-

H3

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

IYGHGKTT

9

Número de secuencia (ID): 276

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 276 - anti-CD3-UCP05-A1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 276 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

A1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISRHGGFSR

10

Número de secuencia (ID): 277

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 277 - anti-CD3-UCP05-A2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 277 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

A2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AITQQGGATV

10

Número de secuencia (ID): 278

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 278 - anti-CD3-UCP05-C1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 278 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

C1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPDHGRPI 10

Número de secuencia (ID): 279

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 279 - anti-CD3-UCP05-D1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 279 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISQFGGYTK 10

Número de secuencia (ID): 280

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 280 - anti-CD3-UCP05-D2 CDRH2

D2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 280 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISQNGGYTL

10

Número de secuencia (ID): 281

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 281 - anti-CD3-UCP05-F1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 281 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AITQRGGYTY

10

Número de secuencia (ID): 282

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 282 - anti-CD3-UCP05-G2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 282 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

G2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GITPDGGFVK

10

Número de secuencia (ID): 283

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 283 - anti-CD3-UCP05-H1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 283 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISTKGGKTL

10

Número de secuencia (ID): 284

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 284 - anti-CD3-UCP05-H2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 284 - CDRH2 de anti-CD3-UCP05-

H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIPLTGKTA

10

Número de secuencia (ID): 285

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 285 - anti-CD3-UCP06-A1 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 285 - CDRH2 de anti-CD3-UCP06-

A1

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EIIPLRGFTI 10

Número de secuencia (ID): 286

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 286 - anti-CD3-UCP06-C1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 286 - CDRH2 de anti-CD3-UCP06-

C1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPKGGYAE 10

Número de secuencia (ID): 287

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

A1

> note, >SEQ ID NO: 287 - anti-CD3-UCP07-A1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 287 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIKSKNEGGT G

11

Número de secuencia (ID): 288

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 288 - anti-CD3-UCP07-A3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 288 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VISQYGGNTY

10

Número de secuencia (ID): 289

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 289 - anti-CD3-UCP07-A4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 289 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

A4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIQQGGYTY

10

Número de secuencia (ID): 290

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 290 - anti-CD3-UCP07-B2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 290 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

B2

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIKSDFKGGD TI

12

Número de secuencia (ID): 291

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 291 - anti-CD3-UCP07-B3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 291 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

B3

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIKSEKNGGK SV

12

Número de secuencia (ID): 292

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 292 - anti-CD3-UCP07-B4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 292 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

B4

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIVPIFGTAN 10

Número de secuencia (ID): 293

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 293 - anti-CD3-UCP07-C3 CDRH2
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 293 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

C3

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPDVGIAF 10

Número de secuencia (ID): 294

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 294 - anti-CD3-UCP07-D1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 294 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISQSGGYTL

10

Número de secuencia (ID): 295

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 295 - anti-CD3-UCP07-D2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 295 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

D2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISIRGGKTL

10

Número de secuencia (ID): 296

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 296 - anti-CD3-UCP07-E1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 296 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

E1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

SISRIGGFTI

10

Número de secuencia (ID): 297

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 297 - anti-CD3-UCP07-E2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 297 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

E2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISRKGGFTE 10

Número de secuencia (ID): 298

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 298 - anti-CD3-UCP07-F2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 298 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

F2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GVIPLKGQSK 10

Número de secuencia (ID): 299

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 299 - anti-CD3-UCP07-F3 CDRH2

F3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 299 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISQNGGYTL

10

Número de secuencia (ID): 300

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 300 - anti-CD3-UCP07-H1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 300 - CDRH2 de anti-CD3-UCP07-

H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISQSGGYTL

10

Número de secuencia (ID): 301

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 301 - anti-CD3-UCP08-B1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 301 - CDRH2 de anti-CD3-UCP08-

B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPRSGKTY

10

Número de secuencia (ID): 302

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 302 - anti-CD3-C1-UCP01-B6 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 302 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-B6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPYQGYAS

10

Número de secuencia (ID): 303

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 303 - anti-CD3-C1-UCP01-B9 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 303 - CDRH2 de anti-CD3-C1-UCP01-B9

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINAPVVRSP E

11

Número de secuencia (ID): 304

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 304 - anti-CD3-C1-UCP01-C11 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 304 - CDRH2 de anti-CD3-C1-UCP01-C11

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPHVGAPE 10

Número de secuencia (ID): 305

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 305 - anti-CD3-C1-UCP01-D1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 305 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPLSDEAQ 10

Número de secuencia (ID): 306

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 306 - anti-CD3-C1-UCP01-D4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 306 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-D4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPIRGRPS

10

Número de secuencia (ID): 307

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 307 - anti-CD3-C1-UCP01-D6 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 307 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-D6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GITALGGYPN

10

Número de secuencia (ID): 308

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 308 - anti-CD3-C1-UCP01-E6 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 308 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-E6

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GITPPHVGIA D

11

Número de secuencia (ID): 309

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 309 - anti-CD3-C1-UCP01-E7 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 309 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-E7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPHLGEAE

10

Número de secuencia (ID): 310

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 310 - anti-CD3-C1-UCP01-E10 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 310 - CDRH2 de anti-CD3-C1-UCP01-E10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPFEGTPA

10

Número de secuencia (ID): 311

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 311 - anti-CD3-C1-UCP01-E11 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 311 - CDRH2 de anti-CD3-C1-UCP01-E11

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPFGDAE 10

Número de secuencia (ID): 312

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 312 - anti-CD3-C1-UCP01-E12 CDRH2
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 312 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-E12

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPLVGHAE 10

Número de secuencia (ID): 313

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 313 - anti-CD3-C1-UCP01-F1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 313 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPRLGQAE

10

Número de secuencia (ID): 314

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 314 - anti-CD3-C1-UCP01-F10 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 314 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-F10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GINPHIRFPE

10

Número de secuencia (ID): 315

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 315 - anti-CD3-C1-UCP01-F12 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 315 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-F12

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPFRGHAE

10

Número de secuencia (ID): 316

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 316 - anti-CD3-C1-UCP01-G12 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 316 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-G12

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPHIGHPE 10

Número de secuencia (ID): 317

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 317 - anti-CD3-C1-UCP01-H9 CDRH2

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 317 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

UCP01-H9

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPHVGYAE 10

Número de secuencia (ID): 318

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 318 - anti-CD3-C1-UCP01-H10 CDRH2

UCP01-H10 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 318 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPLVGYPQ 10

Número de secuencia (ID): 319

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 319 - anti-CD3-C1-UCP02-E1 CDRH2

UCP02-E1 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 319 - CDRH2 de anti-CD3-C1-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GISPFKGYAE 10

Número de secuencia (ID): 320

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 320 - anti-BCMA-UCP01-A8 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 320 - CDRH2 de anti-BCMA-

UCP01-A8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPTYGGAG

10

Número de secuencia (ID): 321

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 321 - anti-BCMA-UCP01-A10 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 321 - CDRH2 de anti-BCMA-

UCP01-A10

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPHGGAPT

10

Número de secuencia (ID): 322

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 322 - anti-BCMA-UCP01-C2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 322 - CDRH2 de anti-BCMA-

UCP01-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISLLGDFTS

10

Número de secuencia (ID): 323

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 323 - anti-BCMA-UCP01-E8 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 323 - CDRH2 de anti-BCMA-

UCP01-E8

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPTSGDTY 10

Número de secuencia (ID): 324

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 324 - anti-BCMA-UCP01-E9 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 324 - CDRH2 de anti-BCMA-

UCP01-E9

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VISERGAVTV 10

Número de secuencia (ID): 325

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

UCP01-F9

> note, >SEQ ID NO: 325 - anti-BCMA-UCP01-F9 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 325 - CDRH2 de anti-BCMA-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIVPISGETF	10
------------	----

Número de secuencia (ID): 326

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 326 - anti-BCMA-PP02-A3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 326 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-

A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

IISQDGGVTV	10
------------	----

Número de secuencia (ID): 327

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 327 - anti-BCMA-PP02-B4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 327 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-

B4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISVSGDFTQ

10

Número de secuencia (ID): 328

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 328 - anti-BCMA-PP02-C2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 328 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-

C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPQHGVP

10

Número de secuencia (ID): 329

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 329 - anti-BCMA-PP02-C4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 329 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-

C4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AISGFGDTL

10

Número de secuencia (ID): 330

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 330 - anti-BCMA-PP02-D3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 330 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-

D3

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQGGNTV

9

Número de secuencia (ID): 331

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 331 - anti-BCMA-PP02-E6 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 331 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-

E6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQNGGQTK

10

Número de secuencia (ID): 332

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

F1	- REGION, 1..10	
	> note, >SEQ ID NO: 332 - anti-BCMA-PP02-F1 CDRH2	
	> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 332 - CDRH2 de anti-BCMA-PP02-	
	- source, 1..10	
	> mol_type, proteína	
	> organism, synthetic construct	
	> organism(en), constructo sintético	
	Residuos:	
	ALSLSGDVTS	10
	Número de secuencia (ID): 333	
	Longitud: 10	
	Tipo de molécula: AA	
	Ubicación de características/Calificadores:	
C4	- REGION, 1..10	
	> note, >SEQ ID NO: 333 - anti-BCMA-PP03-C4 CDRH2	
	> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 333 - CDRH2 de anti-BCMA-PP03-	
	- source, 1..10	
	> mol_type, proteína	
	> organism, synthetic construct	
	> organism(en), constructo sintético	
	Residuos:	
	AISGFGGDTL	10

Número de secuencia (ID): 334

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 334 - anti-BCMA-PP03-E4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 334 - CDRH2 de anti-BCMA-PP03-

E4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AI SEDGGRTS

10

Número de secuencia (ID): 335

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 335 - anti-BCMA-D3-MP03-G7 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 335 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-

MP03-G7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

IIGQRGHTTE 10

Número de secuencia (ID): 336

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 336 - anti-BCMA-D3-MP04-A2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 336 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-A2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQQGGNTV 10

Número de secuencia (ID): 337

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 337 - anti-BCMA-D3-MP04-B11a CDRH2

MP04-B11a > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 337 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQVDGEV 9

Número de secuencia (ID): 338

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 338 - anti-BCMA-D3-MP04-B11b CDRH2

MP04-B11b > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 338 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQVDAEV 9

Número de secuencia (ID): 339

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 339 - anti-BCMA-D3-MP04-B11c CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 339 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-B11c

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQVEGEV

9

Número de secuencia (ID): 340

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 340 - anti-BCMA-D3-MP04-B11d CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 340 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-B11d

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQVAAEV

9

Número de secuencia (ID): 341

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 341 - anti-BCMA-D3-MP04-C2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 341 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQFGGNTV

10

Número de secuencia (ID): 342

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 342 - anti-BCMA-D3-MP04-C8a CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 342 - CDRH2 anti-BCMA-D3-MP04-C8a

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQMFGTL 10

Número de secuencia (ID): 343

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 343 - anti-BCMA-D3-MP04-C8b CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 343 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-C8b

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQIGFGTL 10

Número de secuencia (ID): 344

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 344 - anti-BCMA-D3-MP04-D4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 344 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-D4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQVGGNTV 10

Número de secuencia (ID): 345

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 345 - anti-BCMA-D3-MP04-E11 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 345 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-E11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQLGGNTV 10

Número de secuencia (ID): 346

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 346 - anti-BCMA-D3-MP04-F3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 346 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-F3

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQVGNTV

9

Número de secuencia (ID): 347

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 347 - anti-BCMA-D3-MP04-G7 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 347 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP04-G7

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQRDGTV

9

Número de secuencia (ID): 348

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 348 - anti-BCMA-D3-MP05-A9 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 348 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP05-A9

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQGGNTV

9

Número de secuencia (ID): 349

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 349 - anti-BCMA-D3-MP05-C1a CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 349 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-MP05-C1a

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQGGNTV

9

Número de secuencia (ID): 350

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 350 - anti-BCMA-D3-MP05-C1b CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 350 - CDRH2 anti-BCMA-D3-MP05-C1b

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQGGNTV

9

Número de secuencia (ID): 351

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 351 - anti-BCMA-D3-MP05-F4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 351 - CDRH2 de anti-BCMA-D3-

MP05-F4

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQGGNTV

9

Número de secuencia (ID): 352

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 352 - anti-BCMA-E6-PP02-A3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 352 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-A3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISSQNDITK

10

Número de secuencia (ID): 353

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 353 - anti-BCMA-E6-PP02-B1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 353 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TVSQAGYDTK

10

Número de secuencia (ID): 354

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 354 - anti-BCMA-E6-PP02-B4 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 354 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-B4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQPGFDAK 10

Número de secuencia (ID): 355

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 355 - anti-BCMA-E6-PP02-C7 CDRH2

PP02-C7
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 355 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQSGLVPK 10

Número de secuencia (ID): 356

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 356 - anti-BCMA-E6-PP02-D2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 356 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-D2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQQNEQTK

10

Número de secuencia (ID): 357

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 357 - anti-BCMA-E6-PP02-E6 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 357 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-E6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQAGRDFK

10

Número de secuencia (ID): 358

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 358 - anti-BCMA-E6-PP02-F7 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 358 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-F7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TIGQRGFQTK

10

Número de secuencia (ID): 359

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 359 - anti-BCMA-E6-PP02-G2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 359 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-

PP02-G2

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQSVGQVV K

11

Número de secuencia (ID): 360

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 360 - anti-BCMA-E6-PP02-G6 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 360 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-PP02-G6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TIAQRGGQTK

10

Número de secuencia (ID): 361

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 361 - anti-BCMA-E6-PP02-G7 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 361 - CDRH2 de anti-BCMA-E6-PP02-G7

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TISQQWDVTK 10

Número de secuencia (ID): 362

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 362 - anti-CD38-UCP03-B3 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 362 - CDRH2 de anti-CD38-UCP03-B3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 363

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

UCP01-E2

> note, >SEQ ID NO: 363 - anti-CD38-UCP01-E2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 363 - CDRH2 de anti-CD38-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPVFGSAH	10
------------	----

Número de secuencia (ID): 364

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 364 - anti-CD38-B3-PP11-A2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 364 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-A2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN	10
------------	----

Número de secuencia (ID): 365

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 365 - anti-CD38-B3-PP11-C11 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 365 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-C11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN

10

Número de secuencia (ID): 366

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 366 - anti-CD38-B3-PP11-D1a CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 366 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-D1a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 367

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 367 - anti-CD38-B3-PP11-D1b CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 367 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-D1b

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 368

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 368 - anti-CD38-B3-PP11-D11a CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 368 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-D11a

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 369

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 369 - anti-CD38-B3-PP11-E1 CDRH2
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 369 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-E1

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 370

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 370 - anti-CD38-B3-PP11-E11 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 370 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-E11

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN

10

Número de secuencia (ID): 371

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 371 - anti-CD38-B3-PP11-H1a CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 371 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

PP11-H1a

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN

10

Número de secuencia (ID): 372

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 372 - anti-CD38-B3-PP11-H10 CDRH2

PP11-H10
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 372 - CDRH2 de anti-CD38-B3-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 373

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 373 - anti-CD38-E2-UCP01-A10 CDRH2

UCP01-A10
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 373 - CDRH2 de anti-CD38-E2-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPVFGSAH 10

Número de secuencia (ID): 374

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 374 - anti-CD38-E2-UCP02-A5 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 374 - CDRH2 de anti-CD38-E2-

UCP02-A5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPDLGAAH 10

Número de secuencia (ID): 375

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 375 - anti-CD38-E2-UCP02-D6 CDRH2

UCP02-D6 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 375 - CDRH2 de anti-CD38-E2-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPRLDAEH 10

Número de secuencia (ID): 376

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 376 - anti-CD38-E2-UCP02-E7 CDRH2

UCP02-E7 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 376 - CDRH2 de anti-CD38-E2-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPALAATH 10

Número de secuencia (ID): 377

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 377 - anti-CD38-E2-UCP02-F3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 377 - CDRH2 de anti-CD38-E2-

UCP02-F3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPVLDAAH

10

Número de secuencia (ID): 378

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 378 - anti-CD38-E2-UCP02-F8 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 378 - CDRH2 de anti-CD38-E2-

UCP02-F8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPSLDAGH

10

Número de secuencia (ID): 379

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 379 - anti-CD38-E2-UCP02-G8 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 379 - CDRH2 de anti-CD38-E2-UCP02-G8

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPALGGVH

10

Número de secuencia (ID): 380

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 380 - anti-CD3-UCP02-A3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 380 - CDRH3 de anti-CD3-UCP02-A3

- source, 1..11

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVHDLDDV E 11

Número de secuencia (ID): 381

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 381 - anti-CD3-UCP02-B2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 381 - CDRH3 de anti-CD3-UCP02-

B2

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGDPTSAFD V 11

Número de secuencia (ID): 382

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

D2

> note, >SEQ ID NO: 382 - anti-CD3-UCP02-D2 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 382 - CDRH3 de anti-CD3-UCP02-

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVTARYYYF DN

12

Número de secuencia (ID): 383

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 383 - anti-CD3-UCP02-F2 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 383 - CDRH3 de anti-CD3-UCP02-

F2

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDPYYLGPF DI

12

Número de secuencia (ID): 384

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 384 - anti-CD3-UCP02-H2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 384 - CDRH3 de anti-CD3-UCP02-

H2

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARASYAGPFD Y

11

Número de secuencia (ID): 385

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 385 - anti-CD3-UCP03-A3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 385 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

A3

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGGPGYSTF YEFDN

15

Número de secuencia (ID): 386

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 386 - anti-CD3-UCP03-A4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 386 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

A4

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVSWSYGPF DI

12

Número de secuencia (ID): 387

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 387 - anti-CD3-UCP03-B1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 387 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

B1

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGGTRFDI

9

Número de secuencia (ID): 388

Longitud: 17

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..17

> note, >SEQ ID NO: 388 - anti-CD3-UCP03-C1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 388 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

C1

- source, 1..17

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGQYDDLDK SGYEFDH

17

Número de secuencia (ID): 389

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 389 - anti-CD3-UCP03-C3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 389 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDRYSVLDI

10

Número de secuencia (ID): 390

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 390 - anti-CD3-UCP03-C5 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 390 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

C5

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARWGISLGEP YFDY

14

Número de secuencia (ID): 391

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 391 - anti-CD3-UCP03-E1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 391 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

E1

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARAGYISGDS AAFDV

15

Número de secuencia (ID): 392

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 392 - anti-CD3-UCP03-E2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 392 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

E2

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGVIDGSYL DFAY 14

Número de secuencia (ID): 393

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 393 - anti-CD3-UCP03-E4 CDRH3

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 393 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

E4

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AREPWHTGPF DY 12

Número de secuencia (ID): 394

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 394 - anti-CD3-UCP03-F1 CDRH3

F1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 394 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGPVPGGDH AFDY

14

Número de secuencia (ID): 395

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 395 - anti-CD3-UCP03-F2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 395 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

F2

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGHPVHAFD F

11

Número de secuencia (ID): 396

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..13

> note, >SEQ ID NO: 396 - anti-CD3-UCP03-F4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 396 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

F4

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARIPYRPSVY KDV

13

Número de secuencia (ID): 397

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 397 - anti-CD3-UCP03-G2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 397 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

G2

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDRYSTYSG GMDY

14

Número de secuencia (ID): 398

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 398 - anti-CD3-UCP03-G3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 398 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

G3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDRFGAFDY

10

Número de secuencia (ID): 399

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 399 - anti-CD3-UCP03-G4 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 399 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

G4

- source, 1..9

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VLLGDFFDV 9

Número de secuencia (ID): 400

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 400 - anti-CD3-UCP03-H2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 400 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSQYGYFDY 10

Número de secuencia (ID): 401

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

H3

> note, >SEQ ID NO: 401 - anti-CD3-UCP03-H3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 401 - CDRH3 de anti-CD3-UCP03-

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGYQLFDI

9

Número de secuencia (ID): 402

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 402 - anti-CD3-UCP05-A1 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 402 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

A1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARASSYGYDP

10

Número de secuencia (ID): 403

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 403 - anti-CD3-UCP05-A2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 403 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

A2

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARPGDLGGGF DI

12

Número de secuencia (ID): 404

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 404 - anti-CD3-UCP05-C1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 404 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

C1

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGKGGSVAG WKFDV

15

Número de secuencia (ID): 405

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 405 - anti-CD3-UCP05-D1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 405 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

D1

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARHGRLSHDD YAFDI

15

Número de secuencia (ID): 406

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 406 - anti-CD3-UCP05-D2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 406 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

D2

- source, 1..11
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARLRGGSGMD V 11

Número de secuencia (ID): 407

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12
 - > note, >SEQ ID NO: 407 - anti-CD3-UCP05-F1 CDRH3
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 407 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

F1

- source, 1..12
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARAGPSGGGF DY 12

Número de secuencia (ID): 408

Longitud: 21

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

G2	- REGION, 1..21	
	> note, >SEQ ID NO: 408 - anti-CD3-UCP05-G2 CDRH3	
	> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 408 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-	
	- source, 1..21	
	> mol_type, proteína	
	> organism, synthetic construct	
	> organism(en), constructo sintético	
	Residuos:	
	ARSPVSLYYG KYYVYYGAFD V	21
	Número de secuencia (ID): 409	
	Longitud: 10	
	Tipo de molécula: AA	
	Ubicación de características/Calificadores:	
H1	- REGION, 1..10	
	> note, >SEQ ID NO: 409 - anti-CD3-UCP05-H1 CDRH3	
	> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 409 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-	
	- source, 1..10	
	> mol_type, proteína	
	> organism, synthetic construct	
	> organism(en), constructo sintético	
	Residuos:	
	ARSSPYGFDY	10

Número de secuencia (ID): 410

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 410 - anti-CD3-UCP05-H2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 410 - CDRH3 de anti-CD3-UCP05-

H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARKISSARDY

10

Número de secuencia (ID): 411

Longitud: 18

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..18

> note, >SEQ ID NO: 411 - anti-CD3-UCP06-A1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 411 - CDRH3 de anti-CD3-UCP06-

A1

- source, 1..18

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGSYVDSSY YYDGFDV

18

Número de secuencia (ID): 412

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 412 - anti-CD3-UCP06-C1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 412 - CDRH3 de anti-CD3-UCP06-

C1

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 413

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 413 - anti-CD3-UCP07-A1 CDRH3

A1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 413 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AREPSYYRDG AADY

14

Número de secuencia (ID): 414

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 414 - anti-CD3-UCP07-A3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 414 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

A3

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSGGSVPFD Y

11

Número de secuencia (ID): 415

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 415 - anti-CD3-UCP07-A4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 415 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

A4

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSSSSAFDV

10

Número de secuencia (ID): 416

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..13

> note, >SEQ ID NO: 416 - anti-CD3-UCP07-B2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 416 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

B2

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGRSRGVSE FDY

13

Número de secuencia (ID): 417

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 417 - anti-CD3-UCP07-B3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 417 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

B3

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGGRLSSYF DP

12

Número de secuencia (ID): 418

Longitud: 21

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..21

> note, >SEQ ID NO: 418 - anti-CD3-UCP07-B4 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 418 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

B4

- source, 1..21

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDTSYRVRG YGYSSWSYFD I 21

Número de secuencia (ID): 419

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 419 - anti-CD3-UCP07-C3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 419 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

C3

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AREYHYVGAF DI 12

Número de secuencia (ID): 420

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

D1

> note, >SEQ ID NO: 420 - anti-CD3-UCP07-D1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 420 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARASPYGGGF DY

12

Número de secuencia (ID): 421

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 421 - anti-CD3-UCP07-D2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 421 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

D2

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSSSARTDV PFDV

14

Número de secuencia (ID): 422

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 422 - anti-CD3-UCP07-E1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 422 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

E1

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVGSGGKAF DV

12

Número de secuencia (ID): 423

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 423 - anti-CD3-UCP07-E2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 423 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

E2

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARASYLGGFA Y

11

Número de secuencia (ID): 424

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 424 - anti-CD3-UCP07-F2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 424 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

F2

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGRYYGDYS WKFDY

15

Número de secuencia (ID): 425

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 425 - anti-CD3-UCP07-F3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 425 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

F3

- source, 1..14
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARAASYGLDY ALDI 14

Número de secuencia (ID): 426

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11
 - > note, >SEQ ID NO: 426 - anti-CD3-UCP07-H1 CDRH3
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 426 - CDRH3 de anti-CD3-UCP07-

H1

- source, 1..11
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSHRYSAFD Y 11

Número de secuencia (ID): 427

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 427 - anti-CD3-UCP08-B1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 427 - CDRH3 de anti-CD3-UCP08-

B1

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGPYGRYPD YLFDY

15

Número de secuencia (ID): 428

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 428 - anti-CD3-C1-UCP01-B6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 428 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-B6

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 429

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 429 - anti-CD3-C1-UCP01-B9 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 429 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-B9

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 430

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 430 - anti-CD3-C1-UCP01-C11 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 430 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-C11

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I 11

Número de secuencia (ID): 431

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 431 - anti-CD3-C1-UCP01-D1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 431 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-D1

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I 11

Número de secuencia (ID): 432

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 432 - anti-CD3-C1-UCP01-D4 CDRH3

UCP01-D4 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 432 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I 11

Número de secuencia (ID): 433

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 433 - anti-CD3-C1-UCP01-D6 CDRH3

UCP01-D6 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 433 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I 11

Número de secuencia (ID): 434

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 434 - anti-CD3-C1-UCP01-E6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 434 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-E6

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 435

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 435 - anti-CD3-C1-UCP01-E7 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 435 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-E7

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 436

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 436 - anti-CD3-C1-UCP01-E10 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 436 - CDRH3 de anti-CD3-C1-UCP01-E10

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 437

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 437 - anti-CD3-C1-UCP01-E11 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 437 - CDRH3 de anti-CD3-C1-UCP01-E11

- source, 1..11

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I 11

Número de secuencia (ID): 438

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 438 - anti-CD3-C1-UCP01-E12 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 438 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-E12

- source, 1..11

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I 11

Número de secuencia (ID): 439

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 439 - anti-CD3-C1-UCP01-F1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 439 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-F1

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 440

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 440 - anti-CD3-C1-UCP01-F10 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 440 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-F10

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 441

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 441 - anti-CD3-C1-UCP01-F12 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 441 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-F12

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 442

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 442 - anti-CD3-C1-UCP01-G12 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 442 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP01-G12

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 443

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 443 - anti-CD3-C1-UCP01-H9 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 443 - CDRH3 de anti-CD3-C1-UCP01-H9

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 444

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 444 - anti-CD3-C1-UCP01-H10 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 444 - CDRH3 de anti-CD3-C1-UCP01-H10

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 445

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, >SEQ ID NO: 445 - anti-CD3-C1-UCP02-E1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 445 - CDRH3 de anti-CD3-C1-

UCP02-E1

- source, 1..11

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 446

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 446 - anti-BCMA-UCP01-A8 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 446 - CDRH3 de anti-BCMA-

UCP01-A8

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSSPSISGY AFDV

14

Número de secuencia (ID): 447

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 447 - anti-BCMA-UCP01-A10 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 447 - CDRH3 de anti-BCMA-

UCP01-A10

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDLFDYYPQ GFDY

14

Número de secuencia (ID): 448

Longitud: 17

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..17

> note, >SEQ ID NO: 448 - anti-BCMA-UCP01-C2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 448 - CDRH3 de anti-BCMA-

UCP01-C2

- source, 1..17

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARRLTDYISG GGDGFDV

17

Número de secuencia (ID): 449

Longitud: 18

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..18

> note, >SEQ ID NO: 449 - anti-BCMA-UCP01-E8 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 449 - CDRH3 de anti-BCMA-

UCP01-E8

- source, 1..18

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSVVDLSYV TGYYYMDI

18

Número de secuencia (ID): 450

Longitud: 19

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..19

> note, >SEQ ID NO: 450 - anti-BCMA-UCP01-E9 CDRH3

UCP01-E9
> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 450 - CDRH3 de anti-BCMA-

- source, 1..19

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYGYSSG VEGYFGFDV

19

Número de secuencia (ID): 451

Longitud: 8

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..8

> note, >SEQ ID NO: 451 - anti-BCMA-UCP01-F9 CDRH3

UCP01-F9

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 451 - CDRH3 de anti-BCMA-

- source, 1..8

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AREDYSDY 8

Número de secuencia (ID): 452

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 452 - anti-BCMA-PP02-A3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 452 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

A3

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYGGGSY IPHDS 15

Número de secuencia (ID): 453

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 453 - anti-BCMA-PP02-B4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 453 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

B4

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVGYYLLDS AFDI

14

Número de secuencia (ID): 454

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 454 - anti-BCMA-PP02-C2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 454 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

C2

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVLITVDGS YGGFDY

16

Número de secuencia (ID): 455

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 455 - anti-BCMA-PP02-C4 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 455 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

C4

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARIGYYLDS AFDY

14

Número de secuencia (ID): 456

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 456 - anti-BCMA-PP02-D3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 456 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

D3

- source, 1..15

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI 15

Número de secuencia (ID): 457

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 457 - anti-BCMA-PP02-E6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 457 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

E6

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY 16

Número de secuencia (ID): 458

Longitud: 21

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..21

F1

> note, >SEQ ID NO: 458 - anti-BCMA-PP02-F1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 458 - CDRH3 de anti-BCMA-PP02-

- source, 1..21

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSRVGD SYYDYIGFD I

21

Número de secuencia (ID): 459

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 459 - anti-BCMA-PP03-C4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 459 - CDRH3 de anti-BCMA-PP03-

C4

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARIGYYLDS AFDY

14

Número de secuencia (ID): 460

Longitud: 18

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..18

> note, >SEQ ID NO: 460 - anti-BCMA-PP03-E4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 460 - CDRH3 de anti-BCMA-PP03-

E4

- source, 1..18

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARASAYIPYS EFYAGFDV

18

Número de secuencia (ID): 461

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 461 - anti-BCMA-D3-MP03-G7 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 461 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-

MP03-G7

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 462

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 462 - anti-BCMA-D3-MP04-A2 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 462 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-A2

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 463

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 463 - anti-BCMA-D3-MP04-B11a CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 463 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-B11a

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 464

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 464 - anti-BCMA-D3-MP04-B11b CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 464 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-B11b

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 465

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 465 - anti-BCMA-D3-MP04-B11c CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 465 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-

MP04-B11c

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 466

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 466 - anti-BCMA-D3-MP04-B11d CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 466 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-

MP04-B11d

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 467

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 467 - anti-BCMA-D3-MP04-C2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 467 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-C2

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 468

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 468 - anti-BCMA-D3-MP04-C8a CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 468 - CDRH3 anti-BCMA-D3-MP04-C8a

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI 15

Número de secuencia (ID): 469

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 469 - anti-BCMA-D3-MP04-C8b CDRH3

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 469 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-C8b

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI 15

Número de secuencia (ID): 470

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 470 - anti-BCMA-D3-MP04-D4 CDRH3

MP04-D4 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 470 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI 15

Número de secuencia (ID): 471

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 471 - anti-BCMA-D3-MP04-E11 CDRH3

MP04-E11 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 471 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI 15

Número de secuencia (ID): 472

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 472 - anti-BCMA-D3-MP04-F3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 472 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-F3

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 473

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 473 - anti-BCMA-D3-MP04-G7 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 473 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP04-G7

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYSGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 474

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 474 - anti-BCMA-D3-MP05-A9 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 474 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP05-A9

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYAGY SGADI

15

Número de secuencia (ID): 475

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 475 - anti-BCMA-D3-MP05-C1a CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 475 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP05-C1a

- source, 1..15

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYMGY AGADI 15

Número de secuencia (ID): 476

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 476 - anti-BCMA-D3-MP05-C1b CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 476 - CDRH3 anti-BCMA-D3-MP05-C1b

- source, 1..15

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYIGY AGADI 15

Número de secuencia (ID): 477

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 477 - anti-BCMA-D3-MP05-F4 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 477 - CDRH3 de anti-BCMA-D3-MP05-F4

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVPYSYLG Y QGADI 15

Número de secuencia (ID): 478

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 478 - anti-BCMA-E6-PP02-A3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 478 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-PP02-A3

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG Y YGFDY 16

Número de secuencia (ID): 479

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 479 - anti-BCMA-E6-PP02-B1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 479 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

PP02-B1

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 480

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 480 - anti-BCMA-E6-PP02-B4 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 480 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

PP02-B4

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 481

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 481 - anti-BCMA-E6-PP02-C7 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 481 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-PP02-C7

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 482

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 482 - anti-BCMA-E6-PP02-D2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 482 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-PP02-D2

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 483

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 483 - anti-BCMA-E6-PP02-E6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 483 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

PP02-E6

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 484

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 484 - anti-BCMA-E6-PP02-F7 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 484 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

PP02-F7

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 485

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 485 - anti-BCMA-E6-PP02-G2 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 485 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

PP02-G2

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 486

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 486 - anti-BCMA-E6-PP02-G6 CDRH3

PP02-G6
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 486 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 487

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 487 - anti-BCMA-E6-PP02-G7 CDRH3

PP02-G7
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 487 - CDRH3 de anti-BCMA-E6-

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY

16

Número de secuencia (ID): 488

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 488 - anti-CD38-UCP03-B3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 488 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP03-B3

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 489

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 489 - anti-CD38-UCP01-E2 CDRH3

UCP01-E2 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 489 - CDRH3 de anti-CD38-

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYFDI 16

Número de secuencia (ID): 490

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 490 - anti-CD38-B3-PP11-A2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 490 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-A2

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI 14

Número de secuencia (ID): 491

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 491 - anti-CD38-B3-PP11-C11 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 491 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-C11

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSTPTYGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 492

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 492 - anti-CD38-B3-PP11-D1a CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 492 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-D1a

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 493

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 493 - anti-CD38-B3-PP11-D1b CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 493 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-D1b

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 494

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 494 - anti-CD38-B3-PP11-D11a CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 494 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-D11a

- source, 1..14

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPILGNG WFDI 14

Número de secuencia (ID): 495

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 495 - anti-CD38-B3-PP11-E1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 495 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-E1

- source, 1..14

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI 14

Número de secuencia (ID): 496

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 496 - anti-CD38-B3-PP11-E11 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 496 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-E11

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSYGKG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 497

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 497 - anti-CD38-B3-PP11-H1a CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 497 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-H1a

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 498

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 498 - anti-CD38-B3-PP11-H10 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 498 - CDRH3 de anti-CD38-B3-

PP11-H10

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPHYGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 499

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 499 - anti-CD38-E2-UCP01-A10 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 499 - CDRH3 de anti-CD38-E2-

UCP01-A10

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYYLYS SYYFDI

16

Número de secuencia (ID): 500

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 500 - anti-CD38-E2-UCP02-A5 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 500 - CDRH3 de anti-CD38-E2-UCP02-A5

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYYLYS SYYFDI

16

Número de secuencia (ID): 501

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 501 - anti-CD38-E2-UCP02-D6 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 501 - CDRH3 de anti-CD38-E2-UCP02-D6

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYFFDI

16

Número de secuencia (ID): 502

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 502 - anti-CD38-E2-UCP02-E7 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 502 - CDRH3 de anti-CD38-E2-

UCP02-E7

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYFFDI

16

Número de secuencia (ID): 503

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 503 - anti-CD38-E2-UCP02-F3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 503 - CDRH3 de anti-CD38-E2-

UCP02-F3

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYYFDI

16

Número de secuencia (ID): 504

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 504 - anti-CD38-E2-UCP02-F8 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 504 - CDRH3 de anti-CD38-E2-

UCP02-F8

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYYFDI

16

Número de secuencia (ID): 505

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 505 - anti-CD38-E2-UCP02-G8 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 505 - CDRH3 de anti-CD38-E2-UCP02-G8

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYFFDI

16

Número de secuencia (ID): 506

Longitud: 454

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..454

> note, >SEQ ID NO: 506 - 83A10-TCBcv_aCD3-G65S-VH-BTA1113_LALA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 506 - 83A10-TCBcv_aCD3-G65S-VH-BTA1113_LALA

- source, 1..454

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS TYAMNWVRQA PGKGLEWVSR IRSKYNNYAT 60
YYADSVKSRF TISRDDSKNT LYLQMNSLRA EDTAVYYCVR HGNFGNSYVS WFAYWGQGTL 120
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA 180
VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP 240
EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR 300
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPAVYTL 360
PSREEMTKNQ VKLVCLVTGF YPSDIAVEWE SSGQPENNY TTPMLDSDG SFSLVSWLNV 420
DKSRWQQGNI FSCSVMHEAL HNRFTQKSLS LSPG 454

Número de secuencia (ID): 507

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 507 - BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 507 -
BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLVTVSSG 120

GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDNSK NTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 508

Longitud: 216

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..216

- > note, >SEQ ID NO: 508 - 83A10-TCBcv_aCD3-LC

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 508 - 83A10-TCBcv_aCD3-LC

- source, 1..216

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QAVVTQEPSL TVSPGGTVTL TCGSSTGAVT TSNYANWVQE KPGQAFRGLI GGTNKRAPGT 60
PARFSGSLLG GKAALTLGA QPEDEAEYYC ALWYSNLWVF GGGTKLTVLR TVAAPSVFIF 120
PPSDEQLKSG TASVVCLLN FYPREAKVQW KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSTYSLSST 180
LTLSKADYEK HKVYACEVTH QGLSSPVTKS FNRGEC 216

Número de secuencia (ID): 509

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 509 - 180-C1-UCP01-E10-BTA1113-LALA

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 509 - 180-C1-UCP01-E10-BTA1113-LALA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPFEGTPAY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYYTTPPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 510

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 510 - BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 510 -
BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLTVSSG 120
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDN SK NTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCP PCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 511

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 511 - 180-C1-UCP01-F10-BTA1113-LALA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 511 - 180-C1-UCP01-F10-
BTA1113-LALA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPHIRFPEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 512

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 512 - BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 512 -
BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60

ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLTVSSG 120
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDNSK NTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 513

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 513 - 180-C1-UCP01-H10-BTA1113-LALA

> note(en),& Sec. con núm. de ident.: 513 - 180-C1-UCP01-H10-BTA1113-LALA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ISPLVGPYQY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPAP PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300

YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 514

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 514 - BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

> note(en),&Sec. con núm. de ident.: 514 -
BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLTVVSSG 120
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDN SKNTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCP CPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRLWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 515

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 515 - 180-C1-UCP01-D6-BTA1113-LALA

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 515 - 180-C1-UCP01-D6-BTA1113-LALA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 516

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 516 - BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 516 -
BCMA_dAbx2_G65S_BTBD401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLVTVSSG 120
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDNSK NTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCPAPCAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYCKK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 517

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 517 - 180-C1-UCP01-E12-BTA1113-LALA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 517 - 180-C1-UCP01-E12-
BTA1113-LALA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG INPLVGHA EY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSTIAV EWESSGQPEN NYITTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 518

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 518 - BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

> note(en),& amp;gt;Sec. con núm. de ident.: 518 -
BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLES GGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLVTVSSG 120
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDN SK NTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCP PCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 519

Longitud: 445

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..445

> note, >SEQ ID NO: 519 - ABC_VH_BTA113LALA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 519 - ABC_VH_BTA113LALA

- source, 1..445

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLES GGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGSGGSTYY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKSY GAFDYWGQGT LVTVSSASTK 120
GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 180
LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCP PCPA PEAAGGPSVF 240

LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVS NKALPAP IEKTISKAKG QPREPAVYTL PPSREEMTKN 360
QVKLVCLVTG FYPSDIAVEW ESSGQPENNY YTPPMLDSD GSFSLVSWLN VDKSRWQQGN 420
IFSCSVMHEA LHN RFTQKSL SLSPG 445

Número de secuencia (ID): 520

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 520 - TNB383b_BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

> note(en),& >Sec. con núm. de ident.: 520 -
TNB383b_BCMA_dAbx2_G65S_BT B_D401Q_LALA

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPF DHRG QGTLVTVSSG 120
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDN SK NTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGT LVT 240
VSSGGGGTDK THTCP PCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKS R WQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 521

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..214

- > note, >SEQ ID NO: 521 - ABCLC

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 521 - ABCLC

- source, 1..214

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQSI SYLNWYQQK GKAPKLLIYA ASSLQSGVPS 60
RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ SYSTPNTFGQ GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP 120
SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 180
LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC 214

Número de secuencia (ID): 522

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

- > note, >SEQ ID NO: 522 - E2-BTA

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 522 - E2-BTA

- source, 1..452

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPVFGSAHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA 240
AGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALAAPIEK TISKAKGQPR EPAVYTLPPS 360
REEMTKNQVK LVCLVTGFYP SDIAVEWESS GQPENNYTT PPMLDSDGSF SLVSWLNVDK 420
SRWQQGNIFS CSVMHEALHN RFTQKSLSL PG 452

Número de secuencia (ID): 523

Longitud: 687

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..687

> note, >SEQ ID NO: 523 - C1-D6-3x-D3-E11-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 523 - C1-D6-3x-D3-E11-BTB

- source, 1..687

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CGGGGSGGGG SGGGGSEVQL 240
VESGGGLIQP GGSLRLSCAA SGFIFSHYEM NWVRQAPGKG LEWVSAIGQL GGNTVYADSV 300
KGRFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVY YCARVPYSYS GYSGADIWGQ GTLTVVSSAS 360
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 420
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 480
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 540
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPEVA TFPSPRDELT 600
KNQVTLVCLV TGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTDPPLE SQGSFALSSR LRVDKSRWQQ 660
GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPG 687

Número de secuencia (ID): 524

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

- > note, >SEQ ID NO: 524 - D3-E11-BTA

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 524 - D3-E11-BTA

- source, 1..451

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQLGGNTVY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTTLVTV 120

SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALAAPIEKT ISKAKGQPRE PAVYTLPPSR 360
EEMTKNQVKL VCLVTGFYPS DIAVEWESSG QPENNYTTP PMLDSGGSFS LVSWLNVDKS 420
RWQQGNIFSC SVMHEALHNR FTQKSLSLSP G 451

Número de secuencia (ID): 525

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 525 - C1-D6-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 525 - C1-D6-BTB

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPEVA TFPPSRDELT 360
KNQVTLVCLV TGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTDPPLE SQGSFALSSR LRVDKSRWQQ 420

GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPG

447

Número de secuencia (ID): 526

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 526 - C1-D6-BTA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 526 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 527

Longitud: 694

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..694

> note, >SEQ ID NO: 527 - G6DU-2x-G6DU-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 527 - G6DU-2x-G6DU-BTB

- source, 1..694

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGVDFT KYAIHWVRQA PGQGLEWMGG IVPAEGDANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDV LSAGDGYLY DLMDVWGQGT 120
LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180
AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCG GGGSGGGGSQ 240
VQLVQSGAEV KKPSSSVKVS CKASGVDFTK YAIHWVRQAP GQGLEWMGGI VPAEGDANYA 300
QKFQGRVTIT ADESTSTAYM ELSSLRSED AVYYCARDVL SAGDGYLYD LMDVWGQGTL 360
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA 420
VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP 480
EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR 540
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALAAPI EKTISKAKGQ PREPEVATFP 600
PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TDPPLLESQG SFALSSRLRV 660
DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 694

Número de secuencia (ID): 528

Longitud: 455

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..455

> note, >SEQ ID NO: 528 - G6DU-BTA

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 528 - G6DU-BTA

- source, 1..455

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGVDFT KYAIHWVRQA PGQGLEWMGG IVPAEGDANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDV LSAGDGYLY DLMDVWGQGT 120
LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180
AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA 240
PEAAGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP 300
REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVS NKALAAP IEKTISKAKG QPREPAVYTL 360
PPSREEMTKN QVKLVCLVTG FYP SDIAVEW ESSGQPENNY YTPPMLDSD GSFSLVSWLN 420
VDKSRWQQGN IFSCSVMHEA LHN RFTQKSL SLSPG 455

Número de secuencia (ID): 529

Longitud: 694

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..694

> note, >SEQ ID NO: 529 - G6DU-2x-G6DU-BTB

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 529 - G6DU-2x-G6DU-BTB

- source, 1..694

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGVDFT KYAIHWVRQA PGQGLEWMGG IVPAEGDANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDV LSAGDGYLYL DLMDVWGQGT 120
LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180
AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCG GGGSGGGGSQ 240
VQLVQSGAEV KKPSSSVKVS CKASGVDFTK YAIHWVRQAP GQGLEWMGGI VPAEGDANYA 300
QKFQGRVTIT ADESTSTAYM ELSSLRSED AVYYCARDVL SAGDGYLYD LMDVWGQGTL 360
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA 420
VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP 480
EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR 540
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALAAPI EKTISKAKGQ PREPEVATFP 600
PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TDPPLLESQG SFALSSRLRV 660
DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 694

Número de secuencia (ID): 530

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 530 - C1-D6-BTA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 530 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 531

Longitud: 685

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..685

> note, >SEQ ID NO: 531 - D3-E11-2x-B3-C11-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 531 - D3-E11-2x-B3-C11-BTB

- source, 1..685

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQLGGNTVY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180

SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCGGGGS GGGGSQVQLV 240
QSGAEVKKPG SSVKVSKAS GGDFTLYSIS WVRQAPGQGL EWMGRIIPTG ANANYAQKFQ 300
GRVTITADES TSTAYMELSS LRSEDTAVYY CARSTPTYGS GWFDIWGQGT LVTVSSASTK 360
GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 420
LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA PEAAGGPSVF 480
LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 540
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALAAP IEKTISKAKG QPREPEVATF PPSRDELTKN 600
QVTLVCLVTG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTDPPLLSEQ GSFALSSRLR VDKSRWQQGN 660
VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPG 685

Número de secuencia (ID): 532

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

- > note, >SEQ ID NO: 532 - C1-D6-BTA

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 532 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YLSVSVVTP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240

VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYYTTPPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 533

Longitud: 686

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..686

- > note, >SEQ ID NO: 533 - E6-E6-2x-B3-C11-BTB

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 533 - E6-E6-2x-B3-C11-BTB

- source, 1..686

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST ISQAGRDFKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCKA SGGDFTLYSI SWVRQAPGQG LEWMGRIIPT GANANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSEDNAVY YCARSTPTYG SGWFDIWGGG TLVTVSSAST 360
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 420
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 480
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 540

RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT FPPSRDELTK 600
NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLLS QGSFALSSRL RVDKSRWQQG 660
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPG 686

Número de secuencia (ID): 534

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

- > note, >SEQ ID NO: 534 - C1-D6-BTA

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 534 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 535

Longitud: 686

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..686

> note, >SEQ ID NO: 535 - E6-G6-2x-B3-C11-BTB

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 535 - E6-G6-2x-B3-C11-BTB

- source, 1..686

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCKA SGGDFTLYSI SWVRQAPGQG LEWMGRIIPT GANANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSEDNAVY YCARSTPTYG SGWFDIWGQG TLTVVSSAST 360
KGPSVFPLAP SSKTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 420
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTHTCPPCP APEAAGGPSV 480
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 540
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT FPPSRDELTK 600
NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLES QGSFALSSRL RVDKSRWQQG 660
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPG 686

Número de secuencia (ID): 536

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 536 - C1-D6-BTA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 536 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 537

Longitud: 686

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..686

> note, >SEQ ID NO: 537 - E6-B1-N82aS-2x-B3-C11-BTB

BTB

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 537 - E6-B1-N82aS-2x-B3-C11-

- source, 1..686

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST VSQAGYDTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCKA SGGDFTLYSI SWVRQAPGQG LEWMGRIIPT GANANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSEDNAVY YCARSTPTYG SGWFDIWGQG TLVTVSSAST 360
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 420
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 480
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 540
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT FPPSRDELTK 600
NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLES QGSFALSSRL RVDKSRWQQG 660
NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPG 686

Número de secuencia (ID): 538

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 538 - C1-D6-BTA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 538 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 539

Longitud: 688

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..688

> note, >SEQ ID NO: 539 - E6-G6-N82aS-2x-E2-A5-BTB

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 539 - E6-G6-N82aS-2x-E2-A5-BTB

- source, 1..688

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCA SGGSFSNYAI GWVRQAPGQG LEWMGRIIPD LGAAHYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSEDNAVY YCARGLGYYL YSSYYFDIWG QGTLVTVSSA 360
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG 420
LYSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPAAAGGP 480
SVFLFPPKPK DTLISRTPV VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 540
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL AAPIEKTISK AKGQPREPEV ATFPSSRDEL 600
TKNQVTLVCL VTGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTDPLL ESQGSFALSS RLRVDKSRWQ 660
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPG 688

Número de secuencia (ID): 540

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 540 - C1-D6-BTA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 540 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 541

Longitud: 686

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..686

> note, >SEQ ID NO: 541 - E6-G6-N82aS-2x-B3-C11-BTB

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 541 - E6-G6-N82aS-2x-B3-C11-

BTB

- source, 1..686

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLV 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240

VQSGAEVKKP GSSVKVSCKA SGGDFTLYSI SWVRQAPGQG LEWMGRIIPT GANANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSED TAVY YCARSTPTYG SGWFDIWGQG TLVTVSSAST 360
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 420
SLSSVVTVP SSSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APEAAGGPSV 480
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 540
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT FPPSRDELT 600
NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLES QGSFALSSRL RVDKSRWQQG 660
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPG 686

Número de secuencia (ID): 542

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

- > note, >SEQ ID NO: 542 - C1-D6-BTA

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 542 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300

YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYTTTPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 543

Longitud: 686

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..686

> note, >SEQ ID NO: 543 - E6-G6-N82aS-2x-B3-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 543 - E6-G6-N82aS-2x-B3-BTB

- source, 1..686

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYGYF DYWGQGTSLV 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCKA SGGDFTLYSI SWVRQAPGQG LEWMGRIIPT GANANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSEDNAVY YCARSWPSLG SGWFDIWGQG TLTVSSAST 360
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 420
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPPCP APEAAGGPSV 480
FLPPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 540
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT FPPSRDELTK 600

NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLES QGSFALSSRL RVDKSRWQQG 660
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPG 686

Número de secuencia (ID): 544

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 544 - E2-A5-BTA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 544 - E2-A5-BTA

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPDLGAAHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA 240
AGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALAAPIEK TISKAKGQPR EPAVYTLPPS 360
REEMTKNQVK LVCLVTGFYP SDIAVEWESS GQPENNYTT PPMILSDGSF SLVSWLNVDK 420
SRWQQGNIFS CSVMHEALHN RFTQKSLSL PG 452

Número de secuencia (ID): 545

Longitud: 688

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..688

> note, >SEQ ID NO: 545 - C1-D6-3x-E6-G6-N82aS-BTB

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 545 - C1-D6-3x-E6-G6-N82aS-BTB

- source, 1..688

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTWSN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YLSVVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CGGGGSGGGG SGGGGSEVQL 240
LESGGGLVQP GGSLRLSCAA SGFTFSYYAM TWVRQAPGKG LEWVSTIAQR GGQTKYADSV 300
KGRFTISRDN SKNTLYLQMS SLRAEDTAVY YCARSPYSYL HGYGFDYWG QGTLTVVSSA 360
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVLQSSG 420
LYLSVVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKHTCPP CPAPEAAGGP 480
SVFLFPPKPK DTLNISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 540
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL AAPIEKTISK AKGQPREPEV ATFPSSRDEL 600
TKNQVTLVCL VTGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTDPLL ESQGSFALSS RLRVDKSRWQ 660
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPG 688

Número de secuencia (ID): 546

Longitud: 450

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..450

> note, >SEQ ID NO: 546 - B3-C11-BTA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 546 - B3-C11-BTA

- source, 1..450

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARST PTYGSWFDI WGQGTTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALAAPIEKTI SKAKGQPREP AVYTLPPSRE 360
EMTKNQVQLV CLVTGFYPSD IAVEWESSGQ PENNYITTPP MLDSGGSFSL VSWLNVDKSR 420
WQQGNIFSCS VMHEALHNRF TQKSLSLSPG 450

Número de secuencia (ID): 547

Longitud: 688

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..688

> note, >SEQ ID NO: 547 - C1-D6-3x-E6-G6-N82aS-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 547 - C1-D6-3x-E6-G6-N82aS-BTB

- source, 1..688

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CGGGGSGGGG SGGGGSEVQL 240
LESGGGLVQP GGSRLSCAA SGFTFSYYAM TWVRQAPGKG LEWVSTIAQR GGQTKYADSV 300
KGRFTISRDN SKNTLYLQMS SLRAEDTAVY YCARSPYSYL HGYGFDYWG QGTLTVVSSA 360
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFAVLQSSG 420
LYSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 480
SVFLFPPKPK DTLNISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 540
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL AAPIETISK AKGQPREPEV ATFPSSRDEL 600
TKNQVTLVCL VTGFYPSTIA VEWESNGQPE NNYKTDPELL ESQGSFALSS RLRVDKSRWQ 660
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KLSLSLSPG 688

Número de secuencia (ID): 548

Longitud: 450

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..450

> note, >SEQ ID NO: 548 - B3-BTA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 548 - B3-BTA

- source, 1..450

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALAAPIEKTI SKAKGQPREP AVYTLPPSRE 360
EMTKNQVKLV CLVTGFYPSD IAVEWESSGQ PENNYTTPP MLDSDGSEFSL VSWLNVDKSR 420
WQQGNIFSCS VMHEALHNRF TQKSLSLSPG 450

Número de secuencia (ID): 549

Longitud: 688

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..688

> note, >SEQ ID NO: 549 - C1-D6-3x-E6-G6-N82aS-BTB

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 549 - C1-D6-3x-E6-G6-N82aS-BTB

- source, 1..688

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120

TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YLSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CGGGGSGGGG SGGGGSEVQL 240
LES GGGLVQP GGSRLSCAA SGFTFSYYAM TWVRQAPGKG LEWVSTIAQR GGQTKYADSV 300
KGRFTISRDN SKNTLYLQMS SLRAEDTAVY YCARSPYSYL HGYYGFDYWG QGTLVTVSSA 360
STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFAVLQSSG 420
LYLSLSSVTV PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 480
SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 540
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL AAPIEKTISK AKGQPREPEV ATFPPSRDEL 600
TKNQVTLVCL VTGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTDPELL ESQGSFALSS RLRVDKSRWQ 660
QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPG 688

Número de secuencia (ID): 550

Longitud: 455

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..455

- > note, >SEQ ID NO: 550 - G6DU-BTA

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 550 - G6DU-BTA

- source, 1..455

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGVDFY KYAIHWVRQA PGQGLEWMGG IVPAEGDANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDV LSAGDGYLYL DLMDVWGQGT 120
LTVVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180

AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA 240
PEAAGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP 300
REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAALAP IEKTISKAKG QPREPAVYTL 360
PPSREEMTKN QVKLVCLVTG FYPSDIAVEW ESSGQPENNY YTPPMLDSD GSFSLVSWLN 420
VDKSRWQQGN IFSCSVMHEA LHNRTQKSL SLSPG 455

Número de secuencia (ID): 551

Longitud: 686

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..686

> note, >SEQ ID NO: 551 - E6-G6-N82aS-2x-B3-C11

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 551 - E6-G6-N82aS-2x-B3-C11

- source, 1..686

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLES GGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCKA SGGDFTLYSI SWVRQAPGQG LEWMGRIIPT GANANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSEDNAVY YCARSTPTYG SGWFDIWGQG TLVTVSSAST 360
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 420
SLSSVVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APEAAGGPSV 480

FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 540
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT FPPSRDELTK 600
NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLLS QGSFALSSRL RVDKSRWQQG 660
NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPG 686

Número de secuencia (ID): 552

Longitud: 450

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..450

- > note, >SEQ ID NO: 552 - B3-C11-BTA

- > note(en),&sec. con núm. de ident.: 552 - B3-C11-BTA

- source, 1..450

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARST PTYGSWFDI WGQGTTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALAAPIEKTI SKAKGQPREP EVATFPPSRD 360
ELTKNQVTLV CLVTGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTDPP LLESQGSFAL SSRLRVDKSR 420
WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450

Número de secuencia (ID): 553

Longitud: 696

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..696

> note, >SEQ ID NO: 553 - G6DU-E6-G6-N82aS-BTB

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 553 - G6DU-E6-G6-N82aS-BTB

- source, 1..696

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGVDFY KYAIHWVRQA PGQGLEWMGG IVPAEGDANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDV LSAGDGYLY DLMDVWGQGT 120
LTVVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180
AVLQSSGLYS LSSVTVPS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCG GGGSGGGSG 240
GGGSEVQLLE SGGGLVQPGG SRLSCAASG FTFSYAMTW VRQAPGKGLW WVSTIAQRGG 300
QTKYADSVKG RFTISRDNK NTLYLQMSSL RAEDTAVYYC ARSPSYLHG YYGFDYWGQG 360
TLTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF 420
PAVLQSSGLY SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP 480
APEAAGGPSV FLPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK 540
PREEQYNSTY RVVSVTLV LH QDWLNGKEYK CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPEVAT 600
FPPSRDELTK NQVTLVCLVT GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTDPPLES QGSFALSSRL 660
RVDKSRWQQG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPG 696

Número de secuencia (ID): 554

Longitud: 455

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..455

> note, >SEQ ID NO: 554 - G6DU-BTA

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 554 - G6DU-BTA

- source, 1..455

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGVDFY KYAIHWVRQA PGQGLEWMGG IVPAEGDANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARDV LSAGDGYLY DLMDVWGQGT 120
LTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP 180
AVLQSSGLYS LSSVTVPSL SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA 240
PEAAGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP 300
REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAKAAAP IEKTISKAKG QPREPASYTL 360
PPSREEMTKN QVQLVCLVGT FYPSTDAVEW ESSGQPENNY YTPPMLDSD GSFSLVSWLN 420
VDKSRWQQGN IFSCSVMEHA LHNRFYQKSL SLSPG 455

Número de secuencia (ID): 555

Longitud: 691

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..691

> note, >SEQ ID NO: 555 - C1-D6-2x-G6DU-BTB

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 555 - C1-D6-2x-G6DU-BTB

- source, 1..691

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CGGGGSGGGG SGGGGSQVQL 240
VQSGAEVKKP GSSVKVSCA SGVDFTKYAI HWVRQAPGQG LEWMGGIVPA EGDANYAQKF 300
QGRVTITADE STSTAYMELS SLRSED TAVY YCARDVLSAG DGYLYDLMD VWGQGTLVTV 360
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 420
SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA 480
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 540
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYCKVSN KALAAPIKT ISKAKGQPRE PEVATFPPSR 600
DELTKNQVTL VCLVTFGYPS DIAVEWESNG QPENNYKTD PPLESQGSFA LSSRLRVDKS 660
RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTKSLSLSP G 691

Número de secuencia (ID): 556

Longitud: 447

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..447

> note, >SEQ ID NO: 556 - C1-D6-BTA

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 556 - C1-D6-BTA

- source, 1..447

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 240
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALA APIEKTISKA KGQPREPAVY TLPPSREEMT 360
KNQVKLVCLV TGFYPSDIAV EWESSGQPEN NYITTPPMLD SDGSFSLVSW LNVDKSRWQQ 420
GNIFSCSVMH EALHNRFTQK SLSLSPG 447

Número de secuencia (ID): 557

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, >SEQ ID NO: 557 - E6-G6-N82aS-BTB

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 557 - E6-G6-N82aS-BTB

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA 240
AGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALAAPIEK TISKAKGQPR EPEVATFPPS 360
RDELTKNQVT LVCLVTGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTD PPLLESQGSF ALSSRLRVDK 420
SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTQKSLSLS PG 452

Número de secuencia (ID): 558

Longitud: 669

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..669

- > note, >SEQ ID NO: 558 - 83A10TCBcv-HC1

- > note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 558 - 83A10TCBcv-HC1

- source, 1..669

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGSGGSTYY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKVL GWFDYWGQGT LTVSSASTK 120
GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVEDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 180
LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DEKVEPKSCD GGGGSGGGGS QAVVTQEPSL 240
TVSPGGTVTL TCGSSTGAVT TSNYANWVQE KPGQAFRGLI GGTNKRAPGT PARFSGSLLG 300

GKAALTLSGA QPEDEAEYYC ALWYSNLWVF GGGTKLTVLS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS 360
GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 420
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPEAAG GPSVFLFPPK PKDTLMISRT 480
PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG 540
KEYKCKVSNK ALGAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPCRD ELTKNQVSLW CLVKGFYPSD 600
IAVEWESNGQ PENNYKTPPP VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNNHY 660
TQKSLSLSP 669

Número de secuencia (ID): 559

Longitud: 444

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..444

> note, >SEQ ID NO: 559 - 83A10TCBcv-HC2

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 559 - 83A10TCBcv-HC2

- source, 1..444

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLES GGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGSGGSTYY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKVL GWFDYWGQGT LTVSSASTK 120
GPSVFLAPS SKSTSGGTAA LGCLVEDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 180
LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DEKVEPKSCD KTHTCPPCPA PEAAGGPSVF 240
LFPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNNKALGAP IEKTISKAKG QPREPQVCTL PPSRDELTKN 360

QVSLSCAVKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTTTPVLDSG GSFFLVSKLT VDKSRWQQGN 420
VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSP 444

Número de secuencia (ID): 560

Longitud: 216

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..216

> note, >SEQ ID NO: 560 - 83A10TCBcv-LC1

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 560 - 83A10TCBcv-LC1

- source, 1..216

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SSYLAWYQQK PGQAPRLLIY GASSRATGIP 60
DRFSGSGSGT DFTLTISRLE PEDFAVYYCQ QYGYPDFTF GQGTKVEIKR TVAAPSVFIF 120
PPSDRKLKSG TASVVCLLNN FYPREAKVQW KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSTYLSST 180
LTLSKADYEK HKVYACEVTH QGLSSPVTKS FNRGEC 216

Número de secuencia (ID): 561

Longitud: 232

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..232

> note, >SEQ ID NO: 561 - 83A10TCBcv-LC2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 561 - 83A10TCBcv-LC2

- source, 1..232

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS TYAMNWVRQA PGKGLEWVSR IRSKYNNYAT 60
YYADSVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLRA EDTAVYYCVR HGNFGNSYVS WFAYWGQGTL 120
VTVSSASVAA PSVFIFPPSD EQLKSGTASV VCLLNNFYPR EAKVQWKVDN ALQSGNSQES 180
VTEQDSKDST YLSSTLTLS KADYEKHKVY ACEVTHQGLS SPVTKSFNRG EC 232

Número de secuencia (ID): 562

Longitud: 451

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..451

> note, >SEQ ID NO: 562 - 9G7-BTA

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 562 - 9G7-BTA

- source, 1..451

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVTLKESGPT LVKPTQTLTL TCTFSGLSLS TSGKGVGWIR QPPGKALEWL AHIWWDDDKR 60
YNPALKSRLT ITKDTSKNQV VLTMTNMDPV DTATYYCARI ELGRSYVMDY WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPEAAG 240
GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVQFK WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTFRVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKTKGQPREP AVYTLPPSRE 360
EMTKNQVKLV CLVTGFYPSD IAVEWESSGQ PENNYTTPP MLDSGGSFSL VSWLNVDKSR 420
WQQGNIFSCS VMHEALHNRF TQKSLSLSPG K 451

Número de secuencia (ID): 563

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..214

> note, >SEQ ID NO: 563 - 9G7-LC

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 563 - 9G7-LC

- source, 1..214

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCQASQDVI TSWAWYQQKP GKAPKLLIYS ASYRYTGVPs 60
RFGSGSGSTD FTFTISLQP EDIATYYCQQ HYTIPLTFGQ GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP 120
SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 180
LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC 214

Número de secuencia (ID): 564

Longitud: 482

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..482

> note, >SEQ ID NO: 564 - SP34v3-BTB

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 564 - SP34v3-BTB

- source, 1..482

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFN TYAMNWVRQA PGKGLEWVAR IRSKYNNYAT 60
YYADSVKGRF TISRDDSKNT LYQMNSLRA EDTAVYYCVR HGNFGNSYVS YFAYWGQGTT 120
VTVSSGGGGG GGGGSGGGGS EIVVTQSPAT LSVSPGERAT LSCRSSTGAV TESNYANWVQ 180
EKPGQAFRGL IGGANKRAPG VPARFSGSLS GDEATLTISS LQSEDFAVYY CALFYSNTWV 240
FGQGTKLEIK GGGGTDKTHT CPPCPAPEAA GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD 300
VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN 360
KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PEVATFPPSR DELTKNQVTL VCLVTGFYPS DIAVEWESNG 420
QPENNYKTDP PLLESQGSFA LSSRLRVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH YTQKSLSLSP 480
GK 482

Número de secuencia (ID): 565

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

> note, SEQ ID NO: 565 - daratumumabHC

> note(en),Sec. con núm. de ident.: 565 - daratumumabHC

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFTFN SFAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGSGGGTTY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYFCAKDK ILWFGEPVFD YWGQGTLLTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKRV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL 240
GGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 360
EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS 420
RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP GK 452

Número de secuencia (ID): 566

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..214

> note, >SEQ ID NO: 566 - daratumumabLC

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 566 - daratumumabLC

- source, 1..214

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SYLAWYQQKP GQAPRLIYD ASNRATGIPA 60
RFSGSGSGTD FTLTISSLEP EDFAVYYCQQ RSNWPPTFGQ GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP 120
SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 180
LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC 214

Número de secuencia (ID): 567

Longitud: 444

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..444

> note, >SEQ ID NO: 567 - h5F9 IgG4HS heavy chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 567 - Cadena pesada de IgG4HS

h5F9

- source, 1..444

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT NYNMHWVRQA PGQRLEWMGT IYPGNDDTSY 60
NQKFKDRVTI TADTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARGG YRAMDYWGQG TLVTVSSAST 120
KGPSVFPLAP CSRSTSESTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTTYTC NVDHKPSNTK VDKRVESKYG PPCPPCAPE FLGGPSVFLF 240
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSQEDPEV QFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQFNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKGLPSSIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP SQEEMTKNQV 360
SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSGGS FFLYSRLTVD KSRWQEGNVF 420
SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SLGK 444

Número de secuencia (ID): 568

Longitud: 219

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..219

- > note, >SEQ ID NO: 568 - h5F9 IgG4 HS lightchain

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 568 - Cadena ligera IgG4 HS h5F9

- source, 1..219

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

DIVMTQSPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSIV YSNGNTYLGW YLQKPGQSPQ LLIYKVSNR 60
SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCFQGSHVP YTFGQGKLE IKRTVAAPSV 120
FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPRK VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL 180
SSTLTLSKAD YEKHKVYACE VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Número de secuencia (ID): 569

Longitud: 450

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..450

- > note, >SEQ ID NO: 569 - isatuximabHC

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 569 - isatuximabHC

- source, 1..450

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VAKPGTSVKL SCKASGYTFT DYWMQWVKQR PGQGLEWIGT IYPGDGDTGY 60
AQKFQGKATL TADKSSKTVY MHLSSLASED SAVYYCARGD YYGSNSLDYW GQGTSVTVSS 120
ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 180
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG 240
PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSRDE 360
LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 420
QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Número de secuencia (ID): 570

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..214

> note, >SEQ ID NO: 570 - isatuximabLC

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 570 - isatuximabLC

- source, 1..214

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

DIVMTQSHLS MSTSLGDPVS ITCKASQDVS TVVAWYQQKP GQSPRLIYS ASYRYIGVPD 60

RFTGSGAGTD FTFTISSVQA EDLAVYYCQQ HYSPPYTFGG GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP 120
SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 180
LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC 214

Número de secuencia (ID): 571

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..452

- > note, >SEQ ID NO: 571 - TNB-F2B BEAT Fc HC1

- > note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 571 - TNB-F2B BEAT Fc HC1

- source, 1..452

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LVQPGRSLRL SCAASGFTFD DYAMHWVRQA PGKGLEWVSG ISWNSGSIGY 60
ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TALYYCAKDS RGYGDYRLGG AYWGQGTTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA 240
AGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPAVYTLPPS 360
REEMTKNQVK LVCLVTGFYP SDIAVEWESS GQPENNYTT PPMLESDGSF SLVSWLNVDK 420
SRWQQGNIFS CSVMHEALHN RFTQKSLSL PG 452

Número de secuencia (ID): 572

Longitud: 474

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..474

> note, >SEQ ID NO: 572 - TNB-F2B BEAT Fc HC2

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 572 - TNB-F2B BEAT Fc HC2

- source, 1..474

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SYGMSWVRQA PGKGPEWVSG IRGSDGSTYY 60
ADSVKSRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKQG ENDGPFDRHG QGTLVTVSSG 120
GGGSEVQLE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTVSSYGMSW VRQAPGKGPE WVSGIRGSDG 180
STYYADSVKS RFTISRDN SKNTLYLQMNSL RAEDTAVYYC AKQGENDGPF DHRGQGTLVT 240
VSSGGGGTDK THTCPPCAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI 360
EKTISKAKGQ PREPEVATFP PSRDELTKNQ VTLVCLVTGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 420
TDPPLLESQG SFALSSRLRV DKSRWQQGNV FSCVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG 474

Número de secuencia (ID): 573

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 573 - D3-E11CDR-H1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 573 - D3-E11CDR-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFIFSHYEMN

10

Número de secuencia (ID): 574

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 574 - D3-E11CDR-H2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 574 - D3-E11CDR-H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AIGQLGGNTV

10

Número de secuencia (ID): 575

Longitud: 17

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..17

> note, >SEQ ID NO: 575 - D3-E11CDR-H3

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 575 - D3-E11CDR-H3

- source, 1..17

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

YCARVPYSYS GYSGADI

17

Número de secuencia (ID): 576

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 576 - E6-G6CDR-H1

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 576 - E6-G6CDR-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSYYAMT

10

Número de secuencia (ID): 577

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

- > note, >SEQ ID NO: 577 - E6-G6CDR-H2

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 577 - E6-G6CDR-H2

- source, 1..10

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

TIAQRGGQTK 10

Número de secuencia (ID): 578

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

- > note, >SEQ ID NO: 578 - E6-G6CDR-H3

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 578 - E6-G6CDR-H3

- source, 1..16

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPYSYLHG YYGFDY 16

Número de secuencia (ID): 579

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

- > note, >SEQ ID NO: 579 - C1-D6CDR-H1

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 579 - C1-D6CDR-H1

- source, 1..10

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSRYAIS

10

Número de secuencia (ID): 580

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

- > note, >SEQ ID NO: 580 - C1-D6CDR-H2

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 580 - C1-D6CDR-H2

- source, 1..10

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GITALGGYPN

10

Número de secuencia (ID): 581

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

- > note, >SEQ ID NO: 581 - C1-D6CDR-H3

- > note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 581 - C1-D6CDR-H3

- source, 1..11

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYGYSLYMD I

11

Número de secuencia (ID): 582

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

- > note, >SEQ ID NO: 582 - B3CDR-H1

- > note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 582 - B3CDR-H1

- source, 1..10

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS 10

Número de secuencia (ID): 583

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 583 - B3CDR-H2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 583 - B3CDR-H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN 10

Número de secuencia (ID): 584

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 584 - B3CDR-H3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 584 - B3CDR-H3

- source, 1..14

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI 14

Número de secuencia (ID): 585

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
> note, >SEQ ID NO: 585 - B3-C11CDR-H1
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 585 - B3-C11CDR-H1
- source, 1..10
> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFTLYSIS 10

Número de secuencia (ID): 586

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
> note, >SEQ ID NO: 586 - B3-C11CDR-H2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 586 - B3-C11CDR-H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTGANAN

10

Número de secuencia (ID): 587

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 587 - B3-C11CDR-H3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 587 - B3-C11CDR-H3

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSTPTYGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 588

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 588 - E2-A5CDR-H1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 588 - E2-A5CDR-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFSNYAIG

10

Número de secuencia (ID): 589

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 589 - E2-A5CDR-H2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 589 - E2-A5CDR-H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPDLGAAH

10

Número de secuencia (ID): 590

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

- > note, >SEQ ID NO: 590 - E2-A5CDR-H3

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 590 - E2-A5CDR-H3

- source, 1..16

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYFDI

16

Número de secuencia (ID): 591

Longitud: 123

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..123

- > note, >SEQ ID NO: 591 - E6-G6VH(N82aS)

- > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 591 - E6-G6VH(N82aS)

- source, 1..123

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTTLVT 120

Número de secuencia (ID): 592

Longitud: 118

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..118

- > note, >SEQ ID NO: 592 - C1-D6VH

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 592 - C1-D6VH

- source, 1..118

- > mol_type, proteína

- > organism, synthetic construct

- > organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLVTVSS 118

Número de secuencia (ID): 593

Longitud: 121

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..121

- > note, >SEQ ID NO: 593 - B3VH

- > note(en),>Sec. con núm. de ident.: 593 - B3VH

- source, 1..121

- > mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW PSLGSGWFDI WGQGTSLTVS 120

S

121

Número de secuencia (ID): 594

Longitud: 121

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..121

> note, >SEQ ID NO: 594 - B3-C11VH

> note(en),&Sec. con núm. de ident.: 594 - B3-C11VH

- source, 1..121

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFT LYSISWVRQA PGQGLEWMGR IIPGTGANANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARST PTYGSGWFDI WGQGTSLTVS 120

S

121

Número de secuencia (ID): 595

Longitud: 123

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..123

> note, >SEQ ID NO: 595 - E2-A5VH

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 595 - E2-A5VH

- source, 1..123

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS NYAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPDLGAAHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGL GYYLYSSYYF DIWGQGTTLVT 120
VSS 123

Número de secuencia (ID): 596

Longitud: 122

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..122

> note, >SEQ ID NO: 596 - D3-E11VH

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 596 - D3-E11VH

- source, 1..122

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LIQPGGSLRL SCAASGFIFS HYEMNWVRQA PGKGLEWVSA IGQLGGNTVY 60

ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARVP YSYSGYSGAD IWGQGLVTV 120

SS

122

Número de secuencia (ID): 597

Longitud: 329

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..329

> note, >SEQ ID NO: 597 - BTBFcLALAP329AD401Q

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 597 - BTBFcLALAP329AD401Q

- source, 1..329

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 60
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAGG 120
PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 180
STYRVVSVLT VLNQDWLNGK EYKCKVSNKA LAAPIEKTIS KAKGQPREPE VATFPPSRDE 240
LTKNQVTLVC LVTGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTDPLP LESQGSFALS SRLRVDKSRW 300
QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPG 329

Número de secuencia (ID): 598

Longitud: 329

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..329

> note, >SEQ ID NO: 598 - BTAFcLALAP329A

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 598 - BTAFcLALAP329A

- source, 1..329

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 60
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAGG 120
PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 180
STYRVSVLT VLNQDWLNGK EYKCKVSNKA LAAPIEKTIS KAKGQPREPA VYTLPPSREE 240
MTKNQVKLVC LVTGFYPSDI AVEWESSGQP ENNYTTPPM LDSGGSFSLV SWLNVDKSRW 300
QQGNIFSCSV MHEALHNRFT QKSLSLSPG 329

Número de secuencia (ID): 599

Longitud: 185

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..185

> note, >SEQ ID NO: 599 - human FcgR3a-C-His

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 599 - FcgR3a-C-His humano

- source, 1..185

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GMRTEDLPKA VVFLEPQWYR VLEKDSVTLK CQGAYSPEDN STQWFHNESL ISSQASSYFI 60
DAATVDDSGE YRCQTNLSTL SDPVQLEVHI GWLLLQAPRW VFKEEDPIHL RCHSWKNTAL 120
HKVTYLQNGK GRKYFHHNSD FYIPKATLKD SGSYFCRGLV GSKNVSSETV NITNTQGSAH 180
HHHHH 185

Número de secuencia (ID): 600

Longitud: 179

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..179

> note, >SEQ ID NO: 600 - human FcgR2b-C-His

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 600 - FcgR2b-C-His humano

- source, 1..179

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AAPPKAVLKL EPQWINVLQE DSVTLTCRGT HSPESDSIQW FHNGNLIPTH TQPSYRFKAN 60
NNDSGEYTCQ TGQTSLSDPV HLTVLSEWLV LQTPHLEFQE GETIVLRCHS WKDKPLVKVT 120
FFQNGKSKKF SRSDPNFSIP QANHSHSGDY HCTGNIGYTL YSSKPVTITV QAPHHHHHH 179

Número de secuencia (ID): 601

Longitud: 185

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..185

> note, >SEQ ID NO: 601 - Human FcγR2a-C-10His

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 601 - FcγR2a-C-10His humano

- source, 1..185

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
QAAAPPKAVL KLEPPWINVL QEDSVTLTCQ GARSPESDSI QWFHNGNLIP THTQPSYRFK 60
ANNNDSGEYT CQTGQTSLSL PVHLTVLSEW LVLQTPHLEF QEGETIMLRC HSWKDKPLVK 120
VTFFQNGKSQ KFSRLDPTFS IPQANHSHSG DYHCTGNIGY TLFSSKPVTI TVQVPHHHHH 180
HHHHH                                     185
```

Número de secuencia (ID): 602

Longitud: 308

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..308

> note, >SEQ ID NO: 602 - human FcRn-Avi-His

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 602 - FcRn-Avio-His humano

- source, 1..308

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

```
AESHLSELLYH LTAVSSPAPG TPAFWVSGWL GPQQYLSYNS LRGEAEPCGA WVVWENQVSWY 60
```

WEKETTDLRI KEKLFLEAFK ALGGKGPYTL QGLLGCELGP DNTSVPTAKF ALNGEEFMNF 120
DLKQGTWGGD WPEALAIQR WQQQDKAANK ELTFLFSCP HRLREHLERG RGNLEWKEPP 180
SMRLKARPSS PGFSVLTCSA FSFYPELQL RFLRNGLAAG TGQGDFGPNS DGSFHASSSL 240
TVKSGDEHHY CCIVQHAGLA QPLRVELESP AKSSGGGGTG GLNDIFEAK IEWHEGGGHH 300
HHHHHHHH 308

Número de secuencia (ID): 603

Longitud: 99

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..99

> note, >SEQ ID NO: 603 - human beta 2-microglobulin

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 603 - 2-microglobulina beta humana

- source, 1..99

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

IQRTPKIQVY SRHPAENGKS NFLNCYVSGF HPSDIEVDLL KNGERIEKVE HSDLFSKDW 60
SFYLLYYTEF TPTEKDEYAC RVNHVTLSP KIVKWDRDM 99

Número de secuencia (ID): 604

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 604 - G4Sx2 linker

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 604 - enlazador de G4Sx2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGGSGGGGS

10

Número de secuencia (ID): 605

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 605 - G4Sx3 linker

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 605 - enlazador de G4Sx3

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGGSGGGGS GGGGS

15

Número de secuencia (ID): 606

Longitud: 204

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..204

> note, >SEQ ID NO: 606 - recombinant human CD3 proteínaCD3(Q23-103)-linker-CD3(D23-V118)

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 606 - CD3 proteínaCD3(Q23-103)-enlazador-CD3(D23-V118) humana recombinante

- source, 1..204

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MQSIKGNHLV KVDYQEDGS VLLTCDAEAK NITWFKDGKM IGFLTEDKKK WNLGSNAKDP 60

RGMVQCKGSQ NYSKPLQVYY RMGSADDAKK DAAKKDDAKK DDAKKDGS DG NEEMGGITQT 120

PYKVSISGTT VILTCPQYPG SEILWQHNDK NIGGDEDDKN IGSDDEHLSL KEFSELEQSG 180

YYVCYPRGSK PEDANFYLYL RARV 204

Número de secuencia (ID): 607

Longitud: 264

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..264

> note, >SEQ ID NO: 607 - human CD38-ECD-C-His

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 607 - CD38-ECD-C-His humana

- source, 1..264

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VPRWRQQWSG PGTTKRFPET VLARCVKYTE IHPEMRHVDC QSVWDAFKGA FISKHPCNIT 60
EEDYQPLMKL GTQTVPCNKI LLWSRIKDLA HQFTQVQRDM FTLEDTLGY LADDLTWCGE 120
FNTSKINYQS CPDWRKDCSN NPVSVFWKTV SRRFAEAACD VVHVMLNGSR SKIFDKNSTF 180
GSVEVHNLQP EKVQTLAWV IHGGREDSRD LCQDPTIKEL ESIISKRNQ FSCKNYRPD 240
KFLQCVKNPE DSSCTSEIHH HHHH 264

Número de secuencia (ID): 608

Longitud: 264

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..264

> note, >SEQ ID NO: 608 - cynomolgus monkey CD38-ECD-C-His

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 608 - CD38-ECD-C-His de mono
cynomolgus

- source, 1..264

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

VPRWRQQWSG SGTTSRFPET VLARCVKYTE VHPMRHVDC QSVWDAFKGA FISKYPCNIT 60
EEDYQPLVKL GTQTVPCNKT LLWSRIKDLA HQFTQVQRDM FTLEDMLGY LADDLTWCGE 120
FNTFEINYQS CPDWRKDCSN NPVSVFWKTV SRRFAETACG VVHVMLNGSR SKIFDKNSTF 180
GSVEVHNLQP EKVQALEAWV IHGGREDSRD LCQDPTIKEL ESIISKRNIR FFCKNIYRPD 240

Número de secuencia (ID): 609

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 609 - daratumumab Fab VH-CH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 609 - Fab de daratumumab VH-

CH1

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFTFN SFAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGSGGGTTY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYFCAKDK ILWFGPEPVD YWGQGTLLTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 610

Longitud: 201

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..201

> note, >SEQ ID NO: 610 - human CD3e(M1-D126)-B7.1

humana > note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 610 - CD3e(M1-D126)-B7.1

- source, 1..201

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MQSGTHWRVL GLCLLSVGWV GQDGNEEMGG ITQTPYKVS I SGTTVILTCP QYPGSEILWQ 60
HNDKNIGGDE DDKNIGSDED HSLKEFSEL EQSGYYVCYP RGSKPEDANF YLYLRARVCE 120
NCMEMDGGGG SPPEDPPDSK NTLVLFGAGF GAVITVVVIV VIKCFCKHR SCFRRNEASR 180
ETNNSLTFGP EEALAEQTVF L 201

Número de secuencia (ID): 611

Longitud: 180

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..180

> note, >SEQ ID NO: 611 - human CD3d(M1-A105)-B7.1

humana > note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 611 - CD3d(M1-A105)-B7.1

- source, 1..180

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MEHSTFLSGL VLATLLSQVS PFKIPIEELE DRVFN CNTS ITWVEGTVGT LLSDITRLDL 60

GKRILDPRGI YRCNGTDIYK DKESTVQVHY RMCQSCVELD PATVAGGGGS PPEDPPDSKN 120
TLVLFGAGFG AVITVVVIVV IIKCFCKHRS CFRRNEASRE TNNSLTFGPE EALAEQTVFL 180

Número de secuencia (ID): 612

Longitud: 191

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..191

> note, >SEQ ID NO: 612 - human CD3g(M1-S116)-B7.1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 612 - CD3g(M1-S116)-B7.1

humana

- source, 1..191

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MEQGKGLAVL ILAIIILQGT LAQSIKGNHL VKVYDYQEDG SVLLTCDAEA KNITWFKDGK 60
MIGFLTEDKK KWNLGSSNAKD PRGMYQCKGS QNKSPLQVY YRMCQNCEL NAATISGGGG 120
SPPEDPPDSK NTLVLFGAGF GAVITVVIVV VIKCFCKHR SCFRRNEASR ETNNSLTFGP 180
EEALAEQTVF L 191

Número de secuencia (ID): 613

Longitud: 192

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..192

> note, >SEQ ID NO: 613 - cynoCD3d(M1-A105)-B7.1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 613 - cynoCD3d(M1-A105)-B7.1

- source, 1..192

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MQSGTRWRVL GLCLLSIGVW GQDGNEEMGS ITQTPYQVSI SGTTVILTCS QHLGSEAQWQ 60
HNGKNKEDSG DRLFLPEFSE MEQSGYYVCY PRGSNPEDAS HHLYLKARVC ENCMEMDGGG 120
GSPPEDPPDS KNTLVLFAGAG FGAVITVVVI VVIKCFCKH RSCFRRNEAS RETNNSLTFG 180
PEEALAEQTV FL 192

Número de secuencia (ID): 614

Longitud: 180

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..180

> note, >SEQ ID NO: 614 - cynoCD3e(M1-D117)-B7.1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 614 - cynoCD3e(M1-D117)-B7.1

- source, 1..180

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MEHSTFLSGL VLATLLSQVS PFKIPVEELE DRVFKCNTS VTWVEGTVGT LLTNNTRLDL 60
GKRILDPRGI YRCNGTDIYK DKESAVQVHY RMCQNCVELD PATLAGGGGS PPEDPPDSKN 120

TLVLFGAGFG AVITVVVVIVV IIKCFCKHRS CFRRNEASRE TNNSLTFGPE EALAEQTVFL 180

Número de secuencia (ID): 615

Longitud: 184

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..184

> note, >SEQ ID NO: 615 - human BCMA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 615 - BCMA humano

- source, 1..184

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MLQMAGQCSQ NEYFDSLLHA CIPCQLRCSS NTPPLTCQRY CNASVTNSVK GTNAILWTCL 60

GLSLIISLAV FVLMFLLRKI NSEPLKDEFK NTGSGLLGMA NIDLEKSRTG DEIILPRGLE 120

YTVEECTCED CIKSKPKVDS DHCFLPAME EGATILVTTK TNDYCKSLPA ALSATEIEKS 180

ISAR

184

Número de secuencia (ID): 616

Longitud: 183

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..183

> note, >SEQ ID NO: 616 - cyno BCMA

> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 616 - BCMA de mono cynomolgus

- source, 1..183

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

MLQMARQCSQ NEYFDSLLHD CKPCQLRCSS TPPLTCQRYC NASMTNSVKG MNAILWTCLG 60

LSLIISLAVF VLTFLLRKMS SEPLKDEFKN TGSGLLGMAN IDLEKGRTGD EIVLPRGLEY 120

TVEECTCEDC IKNKPKVDSD HCFPLPAMEE GATILVTTKT NDYCNSLSAA LSVTEIEKSI 180

SAR

183

Número de secuencia (ID): 617

Longitud: 299

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..299

> note, >SEQ ID NO: 617 - Full-Longitud human CD38

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 617 - CD38 humano de longitud

completa

- source, 1..299

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ANCEFSPVSG DKPCCRLSRR AQLCLGVSIL VLILVVVLAV VVPRWRQQWS GPGTTKRFPE 60

TVLARC VKYT EIHPMRHVD CQSVWDAFKG AFISKHPCNI TEEDYQPLMK LGTQTVPCNK 120

ILLWSRIKDL AHQFTQVQRD MFTLEDTLG YLADDLTWCG EFNTSKINYQ SCPDWRKDCS 180

NNPVSVFWKT VSRRFAEAAAC DVVHVMLNGS RSKIFDKNST FGSVEVHNLQ PEKVQTLAW 240
VIHGGREDSR DLCQDPTIKE LESIISKRN QFCKNIYRP DKFLQCVKNP EDSSCTSEI 299

Número de secuencia (ID): 618

Longitud: 300

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..300

> note, >SEQ ID NO: 618 - Full-Longitud cynomolgus monkey CD38

> note(en),& Sec. con núm. de ident.: 618 - CD38 de mono cynomolgus
de longitud completa

- source, 1..300

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ANCEFSPVSG DKPCCRLSRR AQVCLGVCLL VLLILVVVVA VVLPRWRQQW SGSGTTSRFP 60
ETVLARCVKY TEVHPEMRHV DCQSVWDAFK GAFISKYPCN ITEEDYQPLV KLGTQTVPCN 120
KTLWSRIKD LAHQFTQVQR DMFTLEDMLL GYLADDLTWC GEFNTFEINY QSCPDRKDC 180
SNNPVSVFWK TVSRRFAETA CGVVHVMLNG SRSKIFDKNS TFGSVEVHNL QPEKVQALEA 240
WVIHGGREDS RDLQDPTIK ELESISKRN IRFFCKNIYR PDKFLQCVKN PEDSSCLSGI 300

Número de secuencia (ID): 619

Longitud: 227

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..227

> note, >SEQ ID NO: 619 - anti-CD38-UCP01-B1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 619 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP01-B1

- source, 1..227

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFD QYYISWVRQA PGQGLEWMGR IIPTLGDSQY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARAV IVSPYYYIYV FDVWGQGTLV 120
TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV 180
LQSSGLYSLS SVVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSC 227

Número de secuencia (ID): 620

Longitud: 223

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..223

> note, >SEQ ID NO: 620 - anti-CD38-UCP01-D1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 620 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP01-D1

- source, 1..223

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGIFN GYLISWVRQA PGQGLEWMGG IIPVNLADY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARTI GRYIIAFDYW GQGTLTVSS 120
ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 180
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSC 223

Número de secuencia (ID): 621

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 621 - anti-CD38-UCP01-F1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 621 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP01-F1

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGVFS LYITWVRQA PGQGLEWMGS IIPLLGDPEY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYP YPYGSKYFDI WGQGLTVTS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 622

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 622 - anti-CD38-UCP01-G1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 622 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP01-G1

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGGFS KYFITWVRQA PGQGLEWMGG VIPKIGYTSY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGS DDYASYSPLD SWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 623

Longitud: 220

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..220

> note, >SEQ ID NO: 623 - anti-CD38-UCP01-H1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 623 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP01-H1

- source, 1..220

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGDDFS GYAINWVRQA PGQGLEWMGR IIPLLGDTYY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSA AGWFAYWGQG TLTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC 220

Número de secuencia (ID): 624

Longitud: 219

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..219

> note, >SEQ ID NO: 624 - anti-CD38-UCP01-C2 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 624 - cadena pesada de FAB de
anti-CD38-UCP01-C2

- source, 1..219

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGYLG IYAIWVRQA PGQGLEWMGR IIPILGEADY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGG VWWDYWGQGT LTVSSASTK 120
GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS 180
LSSVTVPS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSC 219

Número de secuencia (ID): 625

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 625 - anti-CD38-UCP02-A7 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 625 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-A7

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS FYDMSWVRQA PGKGLEWVST ITLHG GDTYY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARDP SYIYSTSGYF DYWGQGTLVT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTPPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDDK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 626

Longitud: 228

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..228

> note, >SEQ ID NO: 626 - anti-CD38-UCP02-B1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 626 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-B1

- source, 1..228

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGQFS FYAINWVRQA PGQGLEWMGE IIPDYGVTHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARWS YTYGIRYYK LFDPWGQGTL 120
VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA 180
VLQSSGLYSL SSVVTPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSC 228

Número de secuencia (ID): 627

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 627 - anti-CD38-UCP02-B7 FAB heavy chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 627 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-B7

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFSFN EAWMTWVRQA PGKGLEWVGR IKSYSDDGGYT 60
GYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCAR SPGIPYHYFD VWGQGTLVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180

SSGLYSLSSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC

225

Número de secuencia (ID): 628

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 628 - anti-CD38-UCP02-C3 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 628 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-C3

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGDYFN NYAINWVRQA PGQGLEWMGR IIPFLDDANY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARAT SPLYSYFDY WGQGTLVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 629

Longitud: 227

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..227

> note, >SEQ ID NO: 629 - anti-CD38-UCP02-D1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 629 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-D1

- source, 1..227

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFD QYYISWVRQA PGQGLEWMGR IIPTLGDSQY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARAV IVSPYYYIYV FDVWGQGTLV 120
TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV 180
LQSSGLYSLS SVVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSC 227

Número de secuencia (ID): 630

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 630 - anti-CD38-UCP02-D5 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 630 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-D5

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGIFS VHAIHWVRQA PGQGLEWMGE IIPVIGeady 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAREQ YYYALGGGFD YWQGGLTVTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 631

Longitud: 220

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..220

> note, >SEQ ID NO: 631 - anti-CD38-UCP02-E5 FAB heavy chain

> note(en),&&gt;Sec. con núm. de ident.: 631 - cadena pesada de FAB de
anti-CD38-UCP02-E5

- source, 1..220

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGGFR HYFISWVRQA PGQGLEWMGG IIPAAATPYY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGY WHWFDYWGQG TLTVSSAST 120
KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY 180
SLSSVVTVPS SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC 220

Número de secuencia (ID): 632

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 632 - anti-CD38-UCP02-F2 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 632 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-F2

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGDVFS LLAIGWVRQA PGQGLEWMGR IIPSLDATHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGR DVLRSYYFDI WGQGTTLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 633

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 633 - anti-CD38-UCP02-F5 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 633 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-F5

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGVFS YYTISWVRQA PGQGLEWMGR IIPSLGATHY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSD SFYYAYYMDL WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 634

Longitud: 226

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..226

> note, >SEQ ID NO: 634 - anti-CD38-UCP02-F6 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 634 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-F6

- source, 1..226

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS FYDMSWVRQA PGKGLEWVSA VSLYGDETYY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAREP VSYDYYGSYF DYWGQGTSLT 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSC 226

Número de secuencia (ID): 635

Longitud: 223

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..223

> note, >SEQ ID NO: 635 - anti-CD38-UCP02-H1 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 635 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP02-H1

- source, 1..223

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGDKFN TYAISWVRQA PGQGLEWMGG ITPRYDYAHY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSW GFRAGYLDYW GQGLTVTVSS 120

ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 180

GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSC 223

Número de secuencia (ID): 636

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 636 - anti-CD38-UCP03-C3 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 636 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-C3

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS NYAISWVRQA PGQGLEWMGR IIPQIGDAAY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARAS FLYSYFDY WGQGLTVTS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 637

Longitud: 218

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..218

> note, >SEQ ID NO: 637 - anti-CD38-UCP03-H5 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 637 - cadena pesada de FAB de
anti-CD38-UCP03-H5

- source, 1..218

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGLFS FYAISWVRQA PGQGLEWMGG IIPFFGEPQY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGS YRFDVWGQGT LTVTSASTKG 120
PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL 180
SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSC 218

Número de secuencia (ID): 638

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 638 - anti-CD38-UCP03-B6 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 638 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-B6

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGHIS NSAINWVRQA PGQGLEWMGR VIPVIDDAYY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSR GYGYSFYFDI WGQGTLVTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180
SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC 224

Número de secuencia (ID): 639

Longitud: 225

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..225

> note, >SEQ ID NO: 639 - anti-CD38-UCP03-E3 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 639 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-E3

- source, 1..225

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGSFS IYAIWVRQA PGQGLEWMGG IIPNSGDTDY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGP YDSYGESYFD YWGQGTLLTV 120
SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ 180
SSGLYSLSV VTPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSC 225

Número de secuencia (ID): 640

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 640 - anti-CD38-UCP03-A6 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 640 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-A6

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGDFS LYAIWVRQA PGQGLEWMGG IIPLLGEPVY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGH RVYSSSPFDY WGQGTLLTVS 120
SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 641

Longitud: 224

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..224

> note, >SEQ ID NO: 641 - anti-CD38-UCP03-C2 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 641 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-C2

- source, 1..224

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTFS NYAISWVRQA PGQGLEWMGG IIPAFGDAGY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGR VLYYSYFDY WGQGLTVTVS 120

SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS 180

SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSC

224

Número de secuencia (ID): 642

Longitud: 223

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..223

> note, >SEQ ID NO: 642 - anti-CD38-UCP03-H2 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 642 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-H2

- source, 1..223

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGEFS IYVISWVRQA PGQGLEWMGR VIPSTGDTNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGK AYYSGWLAIW GQGTLLTVSS 120
ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS 180
GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSC 223

Número de secuencia (ID): 643

Longitud: 218

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..218

> note, >SEQ ID NO: 643 - anti-CD38-UCP03-H3 FAB heavy chain

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 643 - cadena pesada de FAB de anti-CD38-UCP03-H3

- source, 1..218

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGVFS QFPISWVRQA PGQGLEWMGG IIAGYGATEY 60

AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARVY GGIDWGQGTL VTVSSASTKG 120
PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL 180
SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSC 218

Número de secuencia (ID): 644

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 644 - anti-CD38-UCP01-B1 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 644 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP01-B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFDQYYIS 10

Número de secuencia (ID): 645

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 645 - anti-CD38-UCP01-D1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 645 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP01-D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGIFNGYLIS

10

Número de secuencia (ID): 646

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 646 - anti-CD38-UCP01-F1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 646 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP01-F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGVFSLYTIT

10

Número de secuencia (ID): 647

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 647 - anti-CD38-UCP01-G1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 647 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP01-G1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGFSKYFIT

10

Número de secuencia (ID): 648

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 648 - anti-CD38-UCP01-H1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 648 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP01-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GDFFSGYAIN

10

Número de secuencia (ID): 649

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 649 - anti-CD38-UCP01-C2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 649 - CDRH1 de anti-CD38-UCP01-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGYLGIIY AIS

10

Número de secuencia (ID): 650

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 650 - anti-CD38-UCP02-A7 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 650 - CDRH1 de anti-CD38-UCP02-A7

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSFYDMS 10

Número de secuencia (ID): 651

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 651 - anti-CD38-UCP02-B1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 651 - CDRH1 de anti-CD38-UCP02-B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGQFSFYAIN 10

Número de secuencia (ID): 652

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 652 - anti-CD38-UCP02-B7 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 652 - CDRH1 de anti-CD38-UCP02-B7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFSFNEAWMT 10

Número de secuencia (ID): 653

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 653 - anti-CD38-UCP02-C3 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 653 - CDRH1 de anti-CD38-UCP02-C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GDYFNYYAIN 10

Número de secuencia (ID): 654

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 654 - anti-CD38-UCP02-D1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 654 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP02-D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFDQYYIS

10

Número de secuencia (ID): 655

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 655 - anti-CD38-UCP02-D5 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 655 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP02-D5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGIFSVHAIH

10

Número de secuencia (ID): 656

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 656 - anti-CD38-UCP02-E5 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 656 - CDRH1 de anti-CD38-UCP02-E5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGFRHYFIS

10

Número de secuencia (ID): 657

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 657 - anti-CD38-UCP02-F2 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 657 - CDRH1 de anti-CD38-UCP02-F2

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GDVFSLLAIG 10

Número de secuencia (ID): 658

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10
 - > note, >SEQ ID NO: 658 - anti-CD38-UCP02-F5 CDRH1
 - > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 658 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP02-F5

- source, 1..10
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGVFSYYTIS 10

Número de secuencia (ID): 659

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 659 - anti-CD38-UCP02-F6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 659 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP02-F6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GFTFSFYDMS

10

Número de secuencia (ID): 660

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 660 - anti-CD38-UCP02-H1 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 660 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP02-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GDKFNTYAIS

10

Número de secuencia (ID): 661

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 661 - anti-CD38-UCP03-C3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 661 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGKFSNYAIS

10

Número de secuencia (ID): 662

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 662 - anti-CD38-UCP03-H5 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 662 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-H5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGLFSFYAIS

10

Número de secuencia (ID): 663

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 663 - anti-CD38-UCP03-B6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 663 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-B6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGHISNSAIN

10

Número de secuencia (ID): 664

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 664 - anti-CD38-UCP03-E3 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 664 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-E3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGSFYSYIAIS

10

Número de secuencia (ID): 665

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 665 - anti-CD38-UCP03-A6 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 665 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-A6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGDFSLYIAIS

10

Número de secuencia (ID): 666

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 666 - anti-CD38-UCP03-C2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 666 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGTFSNYAIS

10

Número de secuencia (ID): 667

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 667 - anti-CD38-UCP03-H2 CDRH1

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 667 - CDRH1 de anti-CD38-

UCP03-H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGEFSIYVIS

10

Número de secuencia (ID): 668

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 668 - anti-CD38-UCP03-H3 CDRH1

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 668 - CDRH1 de anti-CD38-UCP03-H3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGVFSQFPIS

10

Número de secuencia (ID): 669

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 669 - anti-CD38-UCP01-B1 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 669 - CDRH2 de anti-CD38-UCP01-B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTLGDSQ 10

Número de secuencia (ID): 670

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 670 - anti-CD38-UCP01-D1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 670 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP01-D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPVNGGLAD 10

Número de secuencia (ID): 671

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 671 - anti-CD38-UCP01-F1 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 671 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP01-F1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

SIIPLLGDPE

10

Número de secuencia (ID): 672

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 672 - anti-CD38-UCP01-G1 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 672 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP01-G1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GVIPKIGYTS

10

Número de secuencia (ID): 673

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 673 - anti-CD38-UCP01-H1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 673 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP01-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPLLGDY

10

Número de secuencia (ID): 674

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 674 - anti-CD38-UCP01-C2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 674 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP01-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPILGEAD 10

Número de secuencia (ID): 675

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 675 - anti-CD38-UCP02-A7 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 675 - CDRH2 de anti-CD38-UCP02-A7

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

TITLHGGDTY 10

Número de secuencia (ID): 676

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 676 - anti-CD38-UCP02-B1 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 676 - CDRH2 de anti-CD38-UCP02-B1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EIIPDYGVTH

10

Número de secuencia (ID): 677

Longitud: 12

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..12

> note, >SEQ ID NO: 677 - anti-CD38-UCP02-B7 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 677 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP02-B7

- source, 1..12

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIKSYSDGGY TG

12

Número de secuencia (ID): 678

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 678 - anti-CD38-UCP02-C3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 678 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP02-C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPFLDDAN 10

Número de secuencia (ID): 679

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 679 - anti-CD38-UCP02-D1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 679 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP02-D1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPTLGDSQ 10

Número de secuencia (ID): 680

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 680 - anti-CD38-UCP02-D5 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 680 - CDRH2 de anti-CD38-UCP02-D5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EIIPVIGEAD

10

Número de secuencia (ID): 681

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 681 - anti-CD38-UCP02-E5 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 681 - CDRH2 de anti-CD38-UCP02-E5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPAAATPY 10

Número de secuencia (ID): 682

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 682 - anti-CD38-UCP02-F2 CDRH2

UCP02-F2
> note(en),>Sec. con núm. de ident.: 682 - CDRH2 de anti-CD38-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPSLDATH 10

Número de secuencia (ID): 683

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 683 - anti-CD38-UCP02-F5 CDRH2

UCP02-F5 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 683 - CDRH2 de anti-CD38-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPSLGATH 10

Número de secuencia (ID): 684

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 684 - anti-CD38-UCP02-F6 CDRH2

UCP02-F6 > note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 684 - CDRH2 de anti-CD38-

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AVSLYGDETY 10

Número de secuencia (ID): 685

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 685 - anti-CD38-UCP02-H1 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 685 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP02-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GITPRYDYAH

10

Número de secuencia (ID): 686

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 686 - anti-CD38-UCP03-C3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 686 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP03-C3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RIIPQIGDAA

10

Número de secuencia (ID): 687

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 687 - anti-CD38-UCP03-H5 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 687 - CDRH2 de anti-CD38-UCP03-H5

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPFFGEPQ

10

Número de secuencia (ID): 688

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 688 - anti-CD38-UCP03-B6 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 688 - CDRH2 de anti-CD38-UCP03-B6

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RVIPVIDDAY 10

Número de secuencia (ID): 689

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 689 - anti-CD38-UCP03-E3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 689 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP03-E3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPNSGDTD 10

Número de secuencia (ID): 690

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 690 - anti-CD38-UCP03-A6 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 690 - CDRH2 de anti-CD38-UCP03-A6

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPLLGEPV 10

Número de secuencia (ID): 691

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 691 - anti-CD38-UCP03-C2 CDRH2

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 691 - CDRH2 de anti-CD38-UCP03-C2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIPAFGDAG 10

Número de secuencia (ID): 692

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 692 - anti-CD38-UCP03-H2 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 692 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP03-H2

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

RVIPSTGDTN

10

Número de secuencia (ID): 693

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 693 - anti-CD38-UCP03-H3 CDRH2

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 693 - CDRH2 de anti-CD38-

UCP03-H3

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GIIAGYGATE

10

Número de secuencia (ID): 694

Longitud: 17

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..17

> note, >SEQ ID NO: 694 - anti-CD38-UCP01-B1 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 694 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-B1

- source, 1..17

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARAVIVSPYY YIYVFDV

17

Número de secuencia (ID): 695

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..13

> note, >SEQ ID NO: 695 - anti-CD38-UCP01-D1 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 695 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-D1

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARTIGRYIIA FDY

13

Número de secuencia (ID): 696

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 696 - anti-CD38-UCP01-F1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 696 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-F1

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARYPYPYGSK YFDI

14

Número de secuencia (ID): 697

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 697 - anti-CD38-UCP01-G1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 697 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-G1

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGSDDYASY SPLDS

15

Número de secuencia (ID): 698

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 698 - anti-CD38-UCP01-H1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 698 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-H1

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSAAGWFAY

10

Número de secuencia (ID): 699

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 699 - anti-CD38-UCP01-C2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 699 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-C2

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGGVWWDY

9

Número de secuencia (ID): 700

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 700 - anti-CD38-UCP01-E2 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 700 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP01-E2

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGLGYLYS SYYFDI 16

Número de secuencia (ID): 701

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 701 - anti-CD38-UCP02-A7 CDRH3

UCP02-A7 > note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 701 - CDRH3 de anti-CD38-

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARDPSYIYST SGYFDY 16

Número de secuencia (ID): 702

Longitud: 18

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..18

> note, >SEQ ID NO: 702 - anti-CD38-UCP02-B1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 702 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP02-B1

- source, 1..18

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARWSYTYGIR YYYKL FDP

18

Número de secuencia (ID): 703

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..13

> note, >SEQ ID NO: 703 - anti-CD38-UCP02-B7 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 703 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP02-B7

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSPGIPYHY FDV

13

Número de secuencia (ID): 704

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 704 - anti-CD38-UCP02-C3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 704 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP02-C3

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARATSPLYSY YFDY

14

Número de secuencia (ID): 705

Longitud: 17

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..17

> note, >SEQ ID NO: 705 - anti-CD38-UCP02-D1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 705 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP02-D1

- source, 1..17

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARAVIVSPYY YIYVFDV

17

Número de secuencia (ID): 706

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 706 - anti-CD38-UCP02-D5 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 706 - CDRH3 de anti-CD38-UCP02-D5

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AREQYYALG GGF DY

15

Número de secuencia (ID): 707

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..10

> note, >SEQ ID NO: 707 - anti-CD38-UCP02-E5 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 707 - CDRH3 de anti-CD38-UCP02-E5

- source, 1..10

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGYWHWFDY 10

Número de secuencia (ID): 708

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 708 - anti-CD38-UCP02-F2 CDRH3

UCP02-F2
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 708 - CDRH3 de anti-CD38-

- source, 1..14

> mol_type, proteína
> organism, synthetic construct
> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGRDVLRSY YFDI 14

Número de secuencia (ID): 709

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 709 - anti-CD38-UCP02-F5 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 709 - CDRH3 de anti-CD38-UCP02-F5

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSDSFYYAY YMDL 14

Número de secuencia (ID): 710

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16

> note, >SEQ ID NO: 710 - anti-CD38-UCP02-F6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 710 - CDRH3 de anti-CD38-UCP02-F6

- source, 1..16

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

AREPVSYYDY GSYFDY 16

Número de secuencia (ID): 711

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..13

> note, >SEQ ID NO: 711 - anti-CD38-UCP02-H1 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 711 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP02-H1

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWGFRAGY LDY

13

Número de secuencia (ID): 712

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 712 - anti-CD38-UCP03-B3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 712 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP03-B3

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSWPSLGSG WFDI

14

Número de secuencia (ID): 713

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 713 - anti-CD38-UCP03-C3 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 713 - CDRH3 de anti-CD38-UCP03-C3

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARASFLYYSY YFDY

14

Número de secuencia (ID): 714

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, >SEQ ID NO: 714 - anti-CD38-UCP03-H5 CDRH3

> note(en),&>Sec. con núm. de ident.: 714 - CDRH3 de anti-CD38-UCP03-H5

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGSYRFDV

9

Número de secuencia (ID): 715

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 715 - anti-CD38-UCP03-B6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 715 - CDRH3 de anti-CD38-UCP03-B6

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARSRGYGSF YFDI

14

Número de secuencia (ID): 716

Longitud: 15

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..15

> note, >SEQ ID NO: 716 - anti-CD38-UCP03-E3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 716 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP03-E3

- source, 1..15

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGPYDSYGE SYFDY

15

Número de secuencia (ID): 717

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 717 - anti-CD38-UCP03-A6 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 717 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP03-A6

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGHRVYSSS PFDY

14

Número de secuencia (ID): 718

Longitud: 14

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..14

> note, >SEQ ID NO: 718 - anti-CD38-UCP03-C2 CDRH3

UCP03-C2
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 718 - CDRH3 de anti-CD38-

- source, 1..14

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGRVLYYS YFDY

14

Número de secuencia (ID): 719

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..13

> note, >SEQ ID NO: 719 - anti-CD38-UCP03-H2 CDRH3

UCP03-H2
> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 719 - CDRH3 de anti-CD38-

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARGKAYYSGW LAI

13

Número de secuencia (ID): 720

Longitud: 8

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..8

> note, >SEQ ID NO: 720 - anti-CD38-UCP03-H3 CDRH3

> note(en),&gt;Sec. con núm. de ident.: 720 - CDRH3 de anti-CD38-

UCP03-H3

- source, 1..8

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

ARVYGGID

8

Número de secuencia (ID): 721

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..11

> note, CDR-L1

> note(en),CDR-L1

- source, 1..11
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

RASQSVSSNL A 11

Número de secuencia (ID): 722

Longitud: 7

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..7
 - > note, CDR-L2
 - > note(en),CDR-L2
- source, 1..7
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GASTRAT 7

Número de secuencia (ID): 723

Longitud: 9

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..9

> note, CDR-L3

> note(en),CDR-L3

- source, 1..9

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QQYNNWPWT

9

Número de secuencia (ID): 724

Longitud: 4

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..4

> note, Linker 1

> note(en),Enlazador 1

- source, 1..4

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGT

4

Número de secuencia (ID): 725

Longitud: 5

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..5
 - > note, Linker 2
 - > note(en), Enlazador 2
- source, 1..5
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

GGGGS 5

Número de secuencia (ID): 726

Longitud: 16

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- REGION, 1..16
 - > note, Epitope
 - > note(en), Epítipo
- source, 1..16
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

YVCYPRGSKP EDANFY 16

Número de secuencia (ID): 727

Longitud: 452

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- source, 1..452

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS YYAMTWVRQA PGKGLEWVST IAQRGGQTKY 60
ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVYYCARSP YSYLHGYYGF DYWGQGTSLV 120
VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYPPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL 180
QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA 240
AGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALAAPIEK TISKAKGQPR EPAVYTLPPS 360
REEMTKNQVK LVCLVTGFYP SDIAVEWESS GQPENNYTT PPMLDSDGSF SLVSWLNVDK 420
SRWQQGNIFS CSVMHEALHN RFTQKSLSL PG 452

Número de secuencia (ID): 728

Longitud: 681

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- source, 1..681

> mol_type, proteína

> organism, synthetic construct

> organism(en), constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGKFS RYAIWVRQA PGQGLEWMGG ITALGGYPNY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARYG YSLYMDIWGQ GTLTVVSSAS 120
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL 180
YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CGGGGSGGGG SQVQLVQSGA 240
EVKKPGSSVK VSCKASGGDF TLYSISWVRQ APGQGLEWMG RIIPTGANAN YAQKFQGRVT 300
ITADESTSTA YMELSSLRSE DTAVYYCARS TPTYGSGWFD IWGQGTTLTV SSASTKGPSV 360
FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV 420
VTVPSSSLGT QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPEAA GGPSVFLFPP 480
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ YNSTYRVVSV 540
LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALAAPIEKT ISKAKGQPRE PEVATFPPSR DELTKNQVTL 600
VCLVTGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTDP PLLESQGSFA LSSRLRVDKS RWQQGNVFSC 660
SVMHEALHNH YTQKSLSLSP G 681

Número de secuencia (ID): 729

Longitud: 264

Tipo de molécula: AA

Ubicación de características/Calificadores:

- source, 1..264
 - > mol_type, proteína
 - > organism, synthetic construct
 - > organism(en), constructo sintético

Residuos:

RWRQQWSGPG TTKRFPETVL ARCVKYTEIH PEMRHVDCQS VWDAFKGAFI SKHPCDITEE 60
DYQPLMKLGT QTVPCNKILL WSRIKDLAHQ FTQVQRDMFT LEDTLLGYLA DDLTWCGEFA 120
TSKINYQSCP DWRKDCSNNP VSVFWKTVSR RFAEAACDVV HVMLDGSRSK IFDKDSTFGS 180
VEVHNLQPEK VQTLEAWVIH GGREDSRDLC QDPTIKELES IISKRNIIQFS CKNIYRPDKF 240

LQCVKNPEDS SCTSEIHFFF HFFF

264

FIN