LISTADO SECUENCIAS

<110> CCOA THERAPEUTICS INC.

<120> ANTICUERPOS ANTI-GLICOPROTEÍNA IB ALFA HUMANIZADA (GPIBALPHA)

<130> 10206046-1PCT

<150> 62/946,086
<151> 2019-12-10

<160> 92

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1
<211> 137
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-A1 Dominio variable de cadena pesada con secuencia de señales

<400> 1

Met Asn Phe Gly Phe Ser Leu Ile Phe Leu Val Leu Val Leu Lys Gly
1 5 10 15

Val Gln Cys Glu Val Lys Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys

20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Ile Arg Arg Thr Pro Glu Lys Ser Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ala Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Val Asp
65 70 75 80

Ser Val Met Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Tyr Ala Gly Asn Ile
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Met Tyr
100 105 110

Tyr Cys Thr Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
130 135

<210> 2

<211> 118

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-A1 dominio variable de cadena pesada con secuencia de señales

<400> 2

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

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
20 25 30

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

Ala Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Val Asp Ser Val Met
50 55 60

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

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

Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Thr Leu Thr Val Ser Ser
115

<210> 3
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-A1 Cadena pesada CDR1

<400> 3

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser
1 5 10

<210> 4
<211> 16
<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-A1 Cadena pesada CDR2

<400> 4

Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Val Asp Ser Val Met Gly

1 5 10 15

<210> 5

<211> 10

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-A1 Cadena pesada CDR3

<400> 5

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 6

<211> 137

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-B1 Dominio variable de cadena pesada con secuencia de señales

<400> 6

Met Asn Phe Gly Phe Ser Leu Ile Phe Leu Val Leu Val Leu Lys Gly
1 5 10 15

Val Gln Cys Glu Val Lys Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys
20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Ile Arg Arg Thr Pro Glu Lys Ser Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ala Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp
65 70 75 80

Ser Val Leu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Tyr Ala Gly Asn Ile
85 90 95

Leu Tyr Leu Leu Met Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Met Tyr

100 105 110

Tyr Cys Thr Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
130 135

<210> 7
<211> 118
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-B1 Dominio variable de cadena pesada con secuencia de señales

<400> 7

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

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
20 25 30

Ala Met Ser Trp Ile Arg Arg Thr Pro Glu Lys Ser Leu Glu Trp Val

35 40 45

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

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

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

Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Thr Leu Thr Val Ser Ser
115

<210> 8
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-B1 Cadena pesada CDR1

<400> 8

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser
1 5 10

<210> 9
<211> 16
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-B1 Cadena Pesada CDR2

<400> 9

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

<210> 10
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-B1 Cadena pesada CDR3

<400> 10

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 11
<211> 133
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-A1 Dominio variable de cadena ligera con secuencia de señales

<400> 11

Met Glu Ser Gln Thr Gln Val Leu Met Phe Leu Leu Leu Trp Val Ser
1 5 10 15

Gly Ala Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala
20 25 30

Met Ser Val Gly Gln Lys Val Thr Leu Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser
35 40 45

Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
50 55 60

Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg
65 70 75 80

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ile Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
85 90 95

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr
100 105 110

Phe Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr
115 120 125

Lys Leu Glu Ile Lys
130

<210> 12
<211> 113
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-A1 Dominio variable de cadena ligera con secuencia de señales

<400> 12

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

Gln Lys Val Thr Leu Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

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

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

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

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln
85 90 95

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

Lys

<210> 13

<211> 17

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-A1 Cadena ligera CDR1

<400> 13

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 14

<211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-A1 Cadena ligera CDR2

<400> 14

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 15
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-A1 Cadena ligera CDR3

<400> 15

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr
1 5

<210> 16
<211> 133
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-B1 Dominio variable de cadena ligera con secuencia de señales

<400> 16

Met Glu Ser Gln Thr Gln Val Leu Met Phe Leu Leu Leu Trp Val Ser

1 5 10 15

Gly Ala Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala
20 25 30

Met Ser Val Gly Gln Lys Val Thr Leu Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser
35 40 45

Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
50 55 60

Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg
65 70 75 80

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ile Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
85 90 95

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr
100 105 110

Phe Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr
115 120 125

Lys Leu Glu Ile Lys
130

<210> 17
<211> 113
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT B1 Dominio variable de cadena ligera con secuencia de señales

<400> 17

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

Gln Lys Val Thr Leu Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

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

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

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

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln
85 90 95

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

Lys

<210> 18
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> NIT-B1 Cadena ligera CDR1

<400> 18

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 19

<211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-B1 Cadena ligera CDR2

<400> 19

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 20

<211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> NIT-B1 Cadena ligera CDR3

<400> 20

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr

1 5

<210> 21

<211> 241

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada C100 quimérica con secuencia de señales

<400> 21

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser Glu Val Lys Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys

20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe

35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Ile Arg Arg Thr Pro Glu Lys Ser Leu

50 55 60

Glu Trp Val Ala Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp

65 70 75 80

Ser Val Leu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Tyr Ala Gly Asn Ile
85 90 95

Leu Tyr Leu Leu Met Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Met Tyr
100 105 110

Tyr Cys Thr Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

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

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

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
180 185 190

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
195 200 205

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
210 215 220

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
225 230 235 240

Asp

<210> 22
<211> 222
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada C100 quimérica sin señal

<400> 22

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

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
20 25 30

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

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

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

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

Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

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

Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly

130 135 140

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

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

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

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

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

<210> 23
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> CDR1 cadena pesada C100 quimérica

<400> 23

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser
1 5 10

<210> 24
<211> 16
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> CDR2 cadena pesada C100 quimérica

<400> 24

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

<210> 25
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> CDR3 cadena pesada C100 quimérica

<400> 25

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 26
<211> 104
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región IgG1 CH1 humana encontrada en SEQ ID NO: 21 y 22

<400> 26

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

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

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

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

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

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

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
100

<210> 27
<211> 743
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucleico optimizada del codón HEK293-6E codificando la SEQ ID NO:21

<400> 27
gaattcccgc cgccaccatg ggctggtcct gcatcatcct cttcctcgtc gccaccgcca 60

ccggcgtcca ctccgaggtc aagctcgtcg agtccggcgg cgacctcgtc aagcccggcg 120

gctccctcaa gctctcctgc gccgcctccg gcttcacctt ctcctccttc gccatgtcct 180

ggatccgccg cacccccgag aagtccctcg agtgggtcgc ctccatcacc tccgccggca 240

cccccctacta ccccgactcc gtcctcggcc gcttcaccat ctcccgcgac tacgccggca 300

acatcctcta cctcctcatg tcctccctcc gctccgagga caccgccatg tactactgca 360

cccgctcccg cggctacgag gactacttcg actactgggg ccagggcacc accctcaccg 420

tctcctccgc ctccaccaag ggcccctccg tcttccccct cgccccctcc tccaagtcca 480

cctccggcgg caccgccgcc ctcggctgcc tcgtcaagga ctacttcccc gagcccgtca 540

ccgtctcctg gaactccggc gccctcacct ccggcgtcca caccttcccc gccgtcctcc 600

agtcctccgg cctctactcc ctctcctccg tcgtcaccgt cccctcctcc tccctcggca 660

cccagaccta catctgcaac gtcaaccaca agccctccaa caccaaggtc gacaagaagg 720

tcgagcccaa gtcctgcgac tga 743

<210> 28
<211> 239
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera C100 quimérica sin secuencia de señales

<400> 28

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

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

Ser Val Gly Gln Lys Val Thr Leu Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45

Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
50 55 60

Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg Glu
65 70 75 80

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ile Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
85 90 95

Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe
100 105 110

Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
115 120 125

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

Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu
145 150 155 160

Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp
165 170 175

Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp
180 185 190

Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys
195 200 205

Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln
210 215 220

Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
225 230 235

<210> 29

<211> 220

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera C100 quimérica sin secuencia de señales

<400> 29

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

Gln Lys Val Thr Leu Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

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

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

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

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln

85 90 95

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

Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190

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

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 30
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> CDR1 Cadena ligera C100 quimérica

<400> 30

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 31
<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> CDR2 Cadena ligera C100 quimérica

<400> 31

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 32
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> CDR3 Cadena ligera C100 quimérica

<400> 32

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr
1 5

<210> 33
<211> 107
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región Humana IgG1 Ig kappa cadena C encontrada en SEQ ID NO: 28 y 29

<400> 33

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

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

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

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

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

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

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

<210> 34
<211> 737

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico optimizada del codón HEK293-6E codificando la SEQ ID NO: 28

<400> 34

gaattcccgc cgccaccatg ggctggtcct gcatcatcct cttcctcgtc gccaccgcca 60

ccggcgtcca ctccgacatc gtcatgaccc agtccccctc ctccctcgcc atgtccgtcg 120

gccagaaggt caccctctcc tgcaagtcct cccagtccct cctcaactcc cgcaaccaga 180

agaactacct cgcctggtac cagcagaagc ccggccagtc ccccaagctc ctcatctact 240

tcacctccac ccgcgagtcc ggcgtccccg accgcttcat cggctccggc tccggcaccg 300

acttcaccct caccatctcc tccgtccagg ccgaggacct cgccgactac ttctgccagc 360

agcactactc ctccccctgg accttcggcg gcggcaccaa gctcgagatc aagcgcaccg 420

tcgccgcccc ctccgtcttc atcttccccc cctccgacga gcagctcaag tccggcaccg 480

cctccgtcgt ctgcctcctc aacaacttct acccccgcga ggccaaggtc cagtggaagg 540

tcgacaacgc cctccagtcc ggcaactccc aggagtccgt caccgagcag gactccaagg 600

actccaccta ctccctctcc tccaccctca ccctctccaa ggccgactac gagaagcaca 660

aggtctacgc ctgcgaggtc acccaccagg gcctctcctc ccccgtcacc aagtccttca 720

accgcggcga gtgctga 737

<210> 35
<211> 241
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH1 de C-100-Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 35

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys
20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ser Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp
65 70 75 80

Ser Val Leu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

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

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

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
180 185 190

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
195 200 205

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
210 215 220

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
225 230 235 240

Asp

<210> 36
<211> 222
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH1 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 36

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

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

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

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

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

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

Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

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

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

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

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

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

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

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

<210> 37
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH1 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 37

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser
1 5 10

<210> 38
<211> 16
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH1 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 38

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

<210> 39
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH1 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 39

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 40
<211> 104
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región humana IgG1 CH1 encontrada en la SEQ ID NO: 35 y 36

<400> 40

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

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

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

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

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

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

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
100

<210> 41
<211> 726
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucléico codificando SEQ ID NO: 35

<400> 41
atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactcccag 60

gtgcagctgg tggaatcagg ggggggactg gtcaagcccg gagggtcact gagactgtca 120

tgtgccgcat cagggttcac ttttagctcc ttcgcaatgt cctggatccg acaggcacca 180

ggcaagggac tggagtgggt gtctagtatt acctctgctg gaacacccta ctatcctgac 240

agtgtcctgg gccggtttac tatctcaaga gataacgcaa aaaatagcct gtacctgcag 300

atgaactccc tgagggccga agacaccgct gtgtactatt gcgcccgcag caggggggtat 360

gaagattact ttgactactg ggggcagggg actctggtga ctgtctcctc cgcctccacc 420

aagggcccct ccgtcttccc cctcgccccc tcctccaagt ccacctccgg cggcaccgcc 480

gccctcggct gcctcgtcaa ggactacttc cccgagcccg tcaccgtctc ctggaactcc 540

ggcgccctca cctccggcgt ccacaccttc cccgccgtcc tccagtcctc cggcctctac 600

tccctctcct ccgtcgtcac cgtcccctcc tcctccctcg gcacccagac ctacatctgc 660

aacgtcaacc acaagccctc caacaccaag gtcgacaaga aggtcgagcc caagtcctgc 720

gactga 726

<210> 42
<211> 241
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH2 de C100-Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 42

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys
20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ser Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp
65 70 75 80

Ser Val Leu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Arg Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
130 135 140

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

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
180 185 190

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
195 200 205

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
210 215 220

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
225 230 235 240

Asp

<210> 43

<211> 222

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH2 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 43

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

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

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

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

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

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

Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

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

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

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

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

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

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

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

<210> 44
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH2 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 44

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser
1 5 10

<210> 45
<211> 16
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH2 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 45

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

<210> 46
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH2 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 46

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 47
<211> 104
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región humana IgG1 CH1 encontrada en la SEQ ID NO: 42 y 43

<400> 47

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

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

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

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

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

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

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
100

<210> 48

<211> 726

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucléico codificando la SEQ ID NO: 42

<400> 48

atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactccgag 60

gtgcagctgg tcgaatctgg aggaggactg gtcaagcctg ggggaagcct gagactgagt 120

tgtgccgcaa gtgggtttac atttagctcc ttcgcaatgt cctgggtgcg acaggcacca 180

ggcaagggac tggagtgggt ctctagtatc acctctgctg gaacacccta ctatcctgac 240

agtgtgctgg gccggtttac tatctcaaga gataacgcaa aaaatagcct gtacctgcag 300

atgaactccc tgagggccga agacaccgct gtctactatt gcgcccgcag ccgagggtat 360

gaggattact ttgattattg ggggcagggc acaactgtca ctgtctccag agcctccacc 420

aagggcccct ccgtcttccc cctcgccccc tcctccaagt ccacctccgg cggcaccgcc 480

gccctcggct gcctcgtcaa ggactacttc cccgagcccg tcaccgtctc ctggaactcc 540

ggcgccctca cctccggcgt ccacaccttc cccgccgtcc tccagtcctc cggcctctac 600

tccctctcct ccgtcgtcac cgtcccctcc tcctccctcg gcacccagac ctacatctgc 660

aacgtcaacc acaagccctc caacaccaag gtcgacaaga aggtcgagcc caagtcctgc 720

gactga 726

<210> 49
<211> 241
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH3 de C100-Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 49

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ser Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp
65 70 75 80

Ser Val Leu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
100 105 110

Tyr Cys Ala Lys Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

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

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

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
180 185 190

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
195 200 205

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
210 215 220

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
225 230 235 240

Asp

<210> 50
<211> 222
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH3 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 50

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

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

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

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

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

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

Lys Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

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

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

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

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

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

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

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

<210> 51
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH3 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 51

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser

1 5 10

<210> 52

<211> 16

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH3 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 52

Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp Ser Val Leu Gly

1 5 10 15

<210> 53

<211> 10

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH3 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 53

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 54
<211> 104
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región humana IgG1 CH1 encontrada en la SEQ ID NO: 49 y 50

<400> 54

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

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

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

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

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

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

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
100

<210> 55
<211> 726
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucleico codificando la SEQ ID NO: 49

<400> 55
atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactccgag 60

gtgcagctgg tggagagcgg ggggggactg gtgcagcctg gcgggagcct gagactgtca 120

tgcgcagcaa gcggattcac ttttagctcc ttcgcaatga gctgggtgag gcaggcacca 180

ggcaagggac tggagtgggt ctctagtatc acctccgctg gaacacccta ctatcctgac 240

tctgtgctgg gccggtttac tatctcaaga gataacagca agaacaccct gtacctgcag 300

atgaacagtc tgcgggccga agacacagct gtctactatt gcgccaaatc caggggctac 360

gaagattact ttgattattg ggggcaggga actctggtga ccgtctcctc cgcctccacc 420

aagggcccct ccgtcttccc cctcgccccc tcctccaagt ccacctccgg cggcaccgcc 480

gccctcggct gcctcgtcaa ggactacttc cccgagcccg tcaccgtctc ctggaactcc 540

ggcgccctca cctccggcgt ccacaccttc cccgccgtcc tccagtcctc cggcctctac 600

tccctctcct ccgtcgtcac cgtcccctcc tcctccctcg gcacccagac ctacatctgc 660

aacgtcaacc acaagccctc caacaccaag gtcgacaaga aggtcgagcc caagtcctgc 720

gactga 726

<210> 56
<211> 241
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH4 de C100-Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 56

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln
20 25 30

Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
35 40 45

Ser Ser Phe Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ala Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp
65 70 75 80

Ser Val Leu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr
85 90 95

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
100 105 110

Tyr Cys Ala Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
115 120 125

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

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

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
180 185 190

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
195 200 205

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
210 215 220

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
225 230 235 240

Asp

<210> 57

<211> 222

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH4 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 57

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

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

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

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

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

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

Arg Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

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

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

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

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

Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser

180 185 190

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

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

<210> 58
<211> 10
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena pesada VH4 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 58

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala Met Ser
1 5 10

<210> 59
<211> 16
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH4 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 59

Ser Ile Thr Ser Ala Gly Thr Pro Tyr Tyr Pro Asp Ser Val Leu Gly

1 5 10 15

<210> 60

<211> 10

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena pesada VH4 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 60

Ser Arg Gly Tyr Glu Asp Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 61

<211> 104

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Región humana IgG1 CH1 encontrada en SEQ ID NO: 56 y 57

<400> 61

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

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

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

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

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

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

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
100

<210> 62

<211> 726

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico codificando la SEQ ID NO: 56

<400> 62

atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactcccag 60

gtgcagctgg tcgagagcgg aggaggggtg gtccagcccg gaaggtcact gagactgagt 120

tgtgccgcaa gcggattcac tttcagctcc ttcgctatga gctgggtgcg acaggcacca 180

ggcaagggac tggagtgggt cgcatctatc accagtgccg gaacacccta ctatcctgac 240

agcgtgctgg gccggtttac tatctcaaga gataacagca agaacaccct gtacctgcag 300

atgaactccc tgagggccga agacacagct gtctactatt gcgcccgctc tcggggatac 360

gaggattatt ttgattattg gggacagggg acactggtca ccgtcagcag cgcctccacc 420

aagggcccct ccgtcttccc cctcgccccc tcctccaagt ccacctccgg cggcaccgcc 480

gccctcggct gcctcgtcaa ggactacttc cccgagcccg tcaccgtctc ctggaactcc 540

ggcgccctca cctccggcgt ccacaccttc cccgccgtcc tccagtcctc cggcctctac 600

tccctctcct ccgtcgtcac cgtcccctcc tcctccctcg gcacccagac ctacatctgc 660

aacgtcaacc acaagccctc caacaccaag gtcgacaaga aggtcgagcc caagtcctgc 720

gactga 726

<210> 63
<211> 239
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL1 de C-100-Fab humanizado con un secuencia líder

<400> 63

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

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

Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45

Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
50 55 60

Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg Glu
65 70 75 80

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
85 90 95

Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr
100 105 110

Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
115 120 125

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

Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu
145 150 155 160

Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp
165 170 175

Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp
180 185 190

Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys
195 200 205

Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln
210 215 220

Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
225 230 235

<210> 64
<211> 220
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL1 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 64

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

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

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

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

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

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

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

Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190

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

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 65
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL1 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 65

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 66
<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL1 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 66

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 67
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL1 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 67

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr
1 5

<210> 68
<211> 107
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región humana IgG1 Ig kappa cadena C encontrada en SEQ ID NO: 63 y 64

<400> 68

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

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

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

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

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

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

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

<210> 69
<211> 720
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucleico codificando SEQ ID NO: 63

<400> 69
atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactccgac 60

attgtgatga cacagagccc tgacagcctg gccgtgagcc tgggggaaag agcaactatc 120

aactgcaaaa gcagccagag cctgctgaac agtaggaatc agaagaacta cctggcctgg 180

tatcagcaga agccaggcca gccccctaaa ctgctgatct acttcaccag cacacgagag 240

tccggagtgc cagacagatt ctctggcagt gggtcaggaa cagattttac tctgaccatt 300

agctccctgc aggccgaaga cgtggctgtc tactattgtc agcagcatta ctcatcaccc 360

tggaccttcg ggggggcac taaactggaa atcaaacgca ccgtcgccgc cccctccgtc 420

ttcatcttcc ccccctccga cgagcagctc aagtccggca ccgcctccgt cgtctgcctc 480

ctcaacaact tctacccccg cgaggccaag gtccagtgga aggtcgacaa cgccctccag 540

tccggcaact cccaggagtc cgtcaccgag caggactcca aggactccac ctactccctc 600

tcctccaccc tcaccctctc caaggccgac tacgagaagc acaaggtcta cgcctgcgag 660

gtcacccacc agggcctctc ctcccccgtc accaagtcct tcaaccgcgg cgagtgctga 720

<210> 70
<211> 239
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL2 de C100Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 70

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

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

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

Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
50 55 60

Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg Glu
65 70 75 80

Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
85 90 95

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

Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
115 120 125

Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro
130 135 140

Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu
145 150 155 160

Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp
165 170 175

Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp
180 185 190

Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys
195 200 205

Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln
210 215 220

Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
225 230 235

<210> 71

<211> 220

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL2 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 71

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

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

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

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

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

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

His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110

Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190

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

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 72
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL2 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 72

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 73
<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL2 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 73

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 74
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL2 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 74

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr
1 5

<210> 75
<211> 107
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Región humana IgG1 Ig kappa cadena C encontrada en SEQ ID NO: 70 y 71

<400> 75

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

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

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

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

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

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

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

<210> 76
<211> 720

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico codificando SEQ ID NO: 70

<400> 76

atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactccgac 60

atccagatga cccagagccc aagtagcctg agcgccagcg tcggagatag agtgaccatt 120

acctgcaaga gtagccagtc cctgctgaac agcaggaatc agaaaaacta cctggcctgg 180

tatcagcaga agcccggcaa agctcctaag ctgctgatct acttcaccag cacacgggag 240

tccggggtgc catctagatt ctctggcagt gggtcaggaa cagactttac tctgaccatt 300

agctccctgc agcccgaaga ttttgccacc tactattgtc agcagcatta ttcatcacct 360

tggaccttcg ggcagggaac aaaagtggaa atcaaacgca ccgtcgccgc cccctccgtc 420

ttcatcttcc ccccctccga cgagcagctc aagtccggca ccgcctccgt cgtctgcctc 480

ctcaacaact tctacccccg cgaggccaag gtccagtgga aggtcgacaa cgccctccag 540

tccggcaact cccaggagtc cgtcaccgag caggactcca aggactccac ctactccctc 600

tcctccaccc tcaccctctc caaggccgac tacgagaagc acaaggtcta cgcctgcgag 660

gtcacccacc agggcctctc ctcccccgtc accaagtcct tcaaccgcgg cgagtgctga 720

<210> 77

<211> 239

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL3 de C100-Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 77

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

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

Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45

Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys
50 55 60

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg Glu
65 70 75 80

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
85 90 95

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
100 105 110

Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
115 120 125

Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro
130 135 140

Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu
145 150 155 160

Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp
165 170 175

Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp
180 185 190

Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys
195 200 205

Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln
210 215 220

Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
225 230 235

<210> 78
<211> 220
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL3 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 78

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

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

90

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

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

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95

His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110

Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190

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

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 79
<211> 17
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL3 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 79

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 80

<211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL3 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 80

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 81

<211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL3 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 81

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr

1 5

<210> 82

<211> 107

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Región humana IgG1 Ig kappa cadena C encontrada en SEQ ID NO: 77 y 78

<400> 82

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

50 55 60

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

65 70 75 80

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

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

<210> 83
<211> 720
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucleico codificando SEQ ID NO: 77

<400> 83
atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactccgac 60

attgtgatga cccagagccc cctgagcctg ccagtgaccc ccggagagcc tgctagtatt 120

tcctgtaagt ccagccagtc cctgctgaac agcaggaatc agaagaacta cctggcctgg 180

tatctgcaga aacccggcca gtcccctcag ctgctgatct acttcaccag tacacgggag 240

tcaggagtgc cagacagatt cagcggatcc ggatctggaa ctgattttac cctgaagatt 300

agtcgggtcg aggctgaaga cgtgggcgtc tactattgcc agcagcatta ctcatcacct 360

tggaccttcg gacagggaac aaaagtggaa atcaaacgca ccgtcgccgc cccctccgtc 420

ttcatcttcc ccccctccga cgagcagctc aagtccggca ccgcctccgt cgtctgcctc 480

ctcaacaact tctacccccg cgaggccaag gtccagtgga aggtcgacaa cgccctccag 540

tccggcaact cccaggagtc cgtcaccgag caggactcca aggactccac ctactccctc 600

tcctccaccc tcaccctctc caaggccgac tacgagaagc acaaggtcta cgcctgcgag 660

gtcacccacc agggcctctc ctcccccgtc accaagtcct tcaaccgcgg cgagtgctga 720

<210> 84
<211> 239
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Cadena ligera VL4 de C100-Fab humanizado con una secuencia líder

<400> 84

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val

20 25 30

Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45

Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Phe Gln Gln Arg
50 55 60

Pro Gly Gln Ser Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Phe Thr Ser Thr Arg Glu
65 70 75 80

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
85 90 95

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
100 105 110

Cys Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
115 120 125

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

Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu
145 150 155 160

Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp
165 170 175

Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp
180 185 190

Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys
195 200 205

Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln
210 215 220

Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
225 230 235

<210> 85
<211> 220
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL4 de C100-Fab humanizado sin una secuencia líder

<400> 85

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

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

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

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95

His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140

Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160

Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190

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

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 86

<211> 17

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL4 de C100-Fab CDR1 humanizado

<400> 86

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 87

<211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL4 de C100-Fab CDR2 humanizado

<400> 87

Phe Thr Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 88

<211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cadena ligera VL4 de C100-Fab CDR3 humanizado

<400> 88

Gln Gln His Tyr Ser Ser Pro Trp Thr

1 5

<210> 89

<211> 107

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Región humana IgG1 Ig kappa cadena C encontrada en SEQ ID NO: 56 y 57

<400> 89

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

1 5 10 15

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

20 25 30

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

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

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

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

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

<210> 90
<211> 720
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucleico codificando la SEQ ID NO: 56

<400> 90

atgggctggt cctgcatcat cctcttcctc gtcgccaccg ccaccggcgt ccactccgac 60

gtcgtgatga cccagagccc cctgagcctg cccgtgaccc tgggacagcc tgcctcaatc 120

tcctgtaaaa gtagccagag cctgctgaac agccgaaatc agaagaacta cctggcctgg 180

ttccagcaga gaccaggaca gtcccctcga agactgatct attttaccag tacaagggag 240

tcaggagtgc cagaccgctt cagcggatcc ggatctggaa ctgattttac cctgaaaatt 300

agtcgggtcg aggctgaaga cgtgggcgtc tactattgtc agcagcacta ttcatcacct 360

tggaccttcg ggcagggaac aaaactggaa atcaaacgca ccgtcgccgc cccctccgtc 420

ttcatcttcc ccccctccga cgagcagctc aagtccggca ccgcctccgt cgtctgcctc 480

ctcaacaact tctacccccg cgaggccaag gtccagtgga aggtcgacaa cgccctccag 540

tccggcaact cccaggagtc cgtcaccgag caggactcca aggactccac ctactccctc 600

tcctccaccc tcaccctctc caaggccgac tacgagaagc acaaggtcta cgcctgcgag 660

gtcacccacc agggcctctc ctcccccgtc accaagtcct tcaaccgcgg cgagtgctga 720

<210> 91

<211> 19

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Secuencia líder

<400> 91

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser

<210> 92

<211> 5

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> enlazador GS

<400> 92

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5