

REIVINDICACIONES

1. Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido N del virus de estomatitis vesicular (VSV), una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV P, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV M, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido F del virus del moquillo canino (CDV), una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV L, en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido G de VSV funcional.
2. El virus de la reivindicación 1, en el que dicho polipéptido CDV F es un polipéptido CDV F que tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud.
3. El virus de la reivindicación 2, en el que dicha secuencia de péptido señal comprende no más de 75 residuos de aminoácidos de la SEQ ID NO:6.
4. El virus de la reivindicación 1, en el que dicho polipéptido CDV F comprende la SEQ ID NO:4 con la condición de que dicho polipéptido CDV F carezca de al menos los residuos de aminoácidos 1 a 60 o carezca de al menos residuos de aminoácidos 1 a 105 de la SEQ ID NO:4.
5. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-4, en el que dicho virus muestra una actividad fusogénica aumentada en comparación con un virus recombinante de control comparable que comprende un polipéptido CDV F de tipo salvaje de longitud completa y dicho polipéptido CDV H.
6. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A, 548A, o una combinación de los mismos según la numeración de aminoácidos de SEQ ID NO:2.
7. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende una combinación de dos, tres, cuatro, cinco o seis de 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548A.

8. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende una combinación de siete, ocho, nueve, diez u once de 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548A.
9. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende una combinación de 12, 13 o 14 de 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548A.
10. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548A.
11. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-10, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende M437 según la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO:5.
12. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende la secuencia expuesta en las SEQ ID NOS 5, 31 a 145, 227 y 228 excepto que dicha secuencia comprende una mutación de un residuo de aminoácido presentado seleccionado del grupo que consiste en P454, V/L/F460, L/F/W479, I494, I /L/V510, Y520, Y/N525, D/G526, I/V527, S/T528, R529, Y/D537, Y539, Y/F547 y T/M548 según la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO:5.
13. El virus de la reivindicación 12, en el que dicho polipéptido CDV H comprende una mutación de dos, tres, cuatro, cinco o seis residuos de aminoácidos seleccionados de dicho grupo.
14. El virus de la reivindicación 12, en el que dicho polipéptido CDV H comprende una mutación de siete, ocho, nueve, diez u once residuos de aminoácidos seleccionados de dicho grupo.
15. El virus de la reivindicación 12, en el que dicho polipéptido CDV H comprende una mutación de 12, 13 o 14 residuos de aminoácidos presentados seleccionados de dicho grupo.
16. El virus de la reivindicación 12, en el que dicho polipéptido CDV H comprende una mutación de los residuos de aminoácidos presentados de dicho grupo.
17. El virus de la reivindicación 12, en el que dicho polipéptido CDV H comprende M437 según la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO:5.
18. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-17, en el que dicho polipéptido CDV H comprende una secuencia de aminoácidos de un anticuerpo monocatenario.

19. El virus de la reivindicación 18, en el que dicho anticuerpo monocatenario es un anticuerpo monocatenario dirigido contra CD19, CD20, CD38, CD46, EGFR, α FR, HER2/neu o PSMA.
20. El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-19, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido simportador de yoduro de sodio (NIS).