

Lista de secuencias

1 Información sobre la lista de secuencias

1-1	Nombre del fichero	SH517 序列表.xml
1-2	Versión de la DTD	V1_3
1-3	Nombre del software	WIPO Sequence
1-4	Versión del software	2.3.0
1-5	Fecha de producción	2024-02-26

2 Información general

2-1	Solicitud actual: Oficina de PI	CN
2-2	Solicitud actual: Número de solicitud	
2-3	Solicitud actual: Fecha de presentación	
2-4	Solicitud actual: Referencia al expediente del solicitante	B055
2-5	Solicitud de prioridad más antigua: Oficina de PI	CN
2-6	Solicitud de prioridad más antigua: Número de solicitud	202310172129.X
2-7	Solicitud de prioridad más antigua: Fecha de presentación	2023-02-27
2-8	Nombre del solicitante: Nombre en caracteres latinos	JIANGSU HENGRUI PHARMACEUTICALS CO., LTD.
2-8zh	Nombre del solicitante	江苏恒瑞医药股份有限公司
2-10zh	Título de la invención	ANTICUERPO ANTI-DLL3, CONJUGADO ANTICUERPO-FÁRMACO

Y SU USO FARMACÉUTICO

2-11	Número total de secuencias	65
3-1	Secuencias	
3-1-1	Identificador de la secuencia	1
3-1-2	Tipo de molécula	AA
3-1-3	Extensión	618
3-1-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..618 mol_type = protein organism = Homo sapiens
3-1-4-2	Características Localización/Calificadores	CHAIN 1..618 note = human-DLL3
3-1-5	Residuos	MVSPRMSGLL SQTIVILALIF LPQTRPAGVF ELQIHSFGPG PGPGAPRSPC SARLPCRLFF60 RVCLKPGLSE EAAESPCALG AALSARGPVY TEQPGAPAPD LPLPDGLLQV PFRDAWPGETF120 SFIIETWREE LGDQIGGPAW SLLARVAGRR RLAAGGPWAR DIQRAGAWEL RFSYRARCEP180 PAVGTACTRL CRPRSAPSRC GPGLRPCAPL EDECEAPLVC RAGCSPEHGF CEQPGECRCL240 EGWTGPLCTV PVSTSSCLSP RGPSSATTGC LVPGPGPCDG NPCANGGSCS ETPRSFECTC300 PRGFYGLRCE VSGVTCADGP CFNGGLCVGG ADPDSAYICH CPPGFQGSNC EKRVDRCSLQ360 PCRNGLCLD LGHALRCRCR AGFAGPRCEH DLDDCAGRAC ANGGTCVEGG GAHRCSCALG420 FGGRDCRERA DPCAARPCAH GGRCYAHFSG LVCACAPGYM GARCEFPVHP DGASALPAAP480 PGLRPGDPQR YLLPPALGLL VAAGVAGAAL LLVHVRRRRGH SQDAGSRLLA GTPEPSVHAL540

PDALNNLRTQ EGS GDGPSSS VDWNRPEDVD PQGIYVISAP SIYAREVATP LFPPLHTGRA600

GQRQHLLFPY PSSILSVK618

3-2 Secuencias

3-2-1	Identificador de la secuencia	2
3-2-2	Tipo de molécula	AA
3-2-3	Extensión	618
3-2-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..618 mol_type = protein organism = Macaca fascicularis
3-2-4-2	Características Localización/Calificadores	CHAIN 1..618 note = cyno-DLL3
3-2-5	Residuos	
	MVSPRMSRLL SQTIVILALIF IPQARPAGVF ELQIHSFGPG PGPGAPRSPC SARGPCRLFF60	
	RVCLKPGLSE EAAESPCALG AALSARGPVY TEQPEAPAPD LPLPNGLLQV PFRDAWPGTF120	
	SLIETWREE LGDQIGGPAW SLLARVTRRR RLAAGGPWAR DIQRAGAWEL RFSYRARCEL180	
	PAVGTACTRL CRPRSAPSRC GPGLRPCAPL EDECEAPPVC RAGCSLEHGF CEQPGECRCL240	
	EGWTGPLCMV PVSTSSCLGL RGPSSTTTGC LVPGPGPCDG NPCANGGSCS ETPGSFECTC300	
	PRGFYGLRCE VSGVTCADGP CFNGGLCVGG ADPDSAYICH CPPGFQGSNC EKRVDRCSLQ360	
	PCRNGGLCLD LGHALRCRCR AGFAGPRCEH DLDDCAGRAC ANGGTCVEGG GAHRCSCALG420	
	FGGRNCRERA DPCAARPCAH GGRCYAHFSG LVCACAPGYM GARCEFPVHP DGVSALPAAP480	
	PGLRPGDPQR YLLPPALGLL VAAGVAGAAL LLVHVRRRGH AQDAGSRLLA GTPEPSVHAL540	

PDALNNLRTQ EPGDVPSSS VDWNRPEDVD SRGIYVISAP SIYAREVAMP LFPPLHTGRA600

GQRQNLLFPF PSSILSVK618

3-3 **Secuencias**

3-3-1	Identificador de la secuencia	3
3-3-2	Tipo de molécula	AA
3-3-3	Extensión	589
3-3-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..589 mol_type = protein organism = Rattus norvegicus
3-3-4-2	Características Localización/Calificadores	CHAIN 1..589 note = rat-DLL3
3-3-5	Residuos	
	MVSLQVSSLP QTLILAFLLP QALPAGVFEL QIHSFGPGPG PGTPRSPCNA RGPCRLFFRV60	
	CLKPGVSQEA AESLCALGAA LSTSGPVYTE QPGVPAAALS LPDGLVRVPF LDAWPGTFSL120	
	IIETWREQLG ERAAGPAWNL LARVAGRRL AAGAPWARDV QRTGAWELHF SYRARCEPPA180	
	VGAACARLCR SRSAPSRCGP GLRPCTPPFD ECEAPRESLT VCRAGCSPEH GYCEEPDECH240	
	CLEGWTGPLC TVPVSTSSCL NSRVSGPAGT GCLLPGPGPC DGNPCANGGS CSETPGSFEC300	
	ACPRGFYGPR CEVSGVTCAD GPCFNGGLCV GGEDPDSAYV CHCPPAFQGS NCERRVDRCS360	
	LQPCQNGGLC LDLGHALRCR CRAGFAGPRC EHDLDDCAGR ACANGGTCVE GGGARRCSCA420	
	LGFGGRDCRE RADPCASRPC AHGGRCYAHF SGLVCACAPG YMGVRCEFAV RPDGADAVPA480	
	APRGLRQADS QRFLPPALG LLAAAALAGA ALLLIHVRRR GPGRDTGTRL LSGTREPSVH540	

TLPDALNNLR LQDGAGDGPT SSADWNHPED GDSRSIYVIP APSIYAREA589

3-4 Secuencias

3-4-1	Identificador de la secuencia	4
3-4-2	Tipo de molécula	AA
3-4-3	Extensión	592
3-4-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..592 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-4-4-2	Características Localización/Calificadores	CHAIN 1..592 note = mouse-DLL3
3-4-5	Residuos	
	MVSLQVSPLS QTLILAFLLP QALPAGVFEL QIHSFGPGPG LGTPRSPCNA RGPCRLFFRV60	
	CLKPGVSQEA TESLCALGAA LSTSVPVYTE HPGESAAALP LPDGLVRVPF RDAWPGTFSL120	
	VIETWREQLG EHAGGPAWNL LARVVGRRRL AAGGPWARDV QRTGTWELHF SYRARCEPPA180	
	VGAACARLCR SRSAPSRCGP GLRPCTPPFD ECEAPSVCRP GCSPEHGYCE EPDECRCLLEG240	
	WTGPLCTVPV STSSCLNSRV PGPASTGCLL PGPGPCDGNP CANGGSCSET SGSFECACPR300	
	GFYGLRCEVS GVTCADGPCF NGGLCVGGED PDSAYVCHCP PGFQGSNCEK RVDRCSLQPC360	
	QNGGLCLDLG HALRCRCRAG FAGPRCEHDL DDCAGRACAN GGTCVEGGGS RRCSCALGFG420	
	GRDCRERADP CASRPCAHGG RCYAHFSGLV CACAPGYMGV RCEFAVRPDG ADAVPAAPRG480	
	LRQADPQRFL LPPALGLLVA AGLAGAALLV IHVRRRGPGQ DTGTRLLSGT REPSVHTLPD540	
	ALNNLRLQDG AGDGPSSSAD WNHPEDGDSR SIYVIPAPSI YAREDWLIQV LF592	

3-5 Secuencias

3-5-1	Identificador de la secuencia	5
3-5-2	Tipo de molécula	AA
3-5-3	Extensión	723
3-5-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..723 mol_type = protein organism = Homo sapiens
3-5-4-2	Características Localización/Calificadores	CHAIN 1..723 note = human-DLL1
3-5-5	Residuos	
	MGSRCALALA VLSALLCQVW SSGVFELKLQ EFNKKGLLG NRNCCRGGAG PPPCACRTFF	60
	RVCLKHYQAS VSPEPPCTYG SAVTPVLGVD SFSLPDGGGA DSAFSNPIRF PFGFTWPGTF	120
	SLIIEALHTD SPDDLATENP ERLISRLATQ RHLTVGEEWS QDLHSSGRD LKYSYRFVCD	180
	EHYYGEGCSV FCRPRDDAFG HFTCGERGEK VCNPGWKGPY CTEPICLP GC DEQHGFCDKP	240
	GECKCRVGWQ GRYCDECIRY PGCLHGTCQQ PWQCNCQEGW GGLFCNQDLN YCTHHKPCKN	300
	GATCTNTGQG SYTCSCRPGY TGATCELGID ECDPSPCKNG GSCTDLENSY SCTCPPGFY	360
	KICELSAMTC ADGPCFNGGR CSDSPDGGYS CRCPVGYS GF NCEKKIDYCS SSPCSNGAKC	420
	VDLGDAYLCR CQAGFSGRHC DDNVDDCASS PCANGGTCRD GVNDFSCTCP PGYTGRNC	480
	PVSRCEHAPC HNGATCHERG HRYVCECARG YGGPNCQFLL PELPPGPAVV DLTEKLEGQG	540
	GPFPWVAVCA GVILVLM LLL GCAAVVVCVR LRLQKHRPPA DPCRGETETM NNLANCQREK	600
	DISVSIIGAT QIKNTNKKAD FHGDHSADKN GFKARYPAVD YNLVQDLKGD DTAVRDAHSK	660

RDTKCQPQGS SGEEKGTPTT LRGGEASERK RPDSCGCTSK DTKYQSVYVI SEEKDECVIA720

TEV723

3-6 Secuencias

3-6-1	Identificador de la secuencia	6
3-6-2	Tipo de molécula	AA
3-6-3	Extensión	685
3-6-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..685 mol_type = protein organism = Homo sapiens
3-6-4-2	Características Localización/Calificadores	CHAIN 1..685 note = human-DLL4
3-6-5	Residuos	
	MAAASRSASG WALLLLVALW QQRAAGSGVF QLQLQEFINE RGVLASGRPC EPGCRTFFRV60	
	CLKHFQAVVS PGPCTFGTVS TPVLGTNSFA VRDDSSGGGR NPLQLPFNFT WPGTFSLIIE120	
	AWHAPGDDLRL PEALPPDALI SKIAIQGSLA VGQNWLLDEQ TSTLTRLRYS YRVICSDNYY180	
	GDNCSRLCKK RNDHFGHYVC QPDGNLSCLP GWTGEYCQQP ICLSGCHEQN GYCSKPAECL240	
	CRPGWQGRLC NECIPHNGCR HGTCSTPWQC TCDEGWGGLF CDQDLNYCTH HSPCKNGATC300	
	SNSGQRSYTC TCRPGYTGVD CELELSECDS NPCRNGGSCK DQEDGYHCLC PPGYYGLHCE360	
	HSTLSCADSP CFNGGSCRER NQGANYACEC PPNFTGSNCE KKVDRCTSNP CANGGQCLNR420	
	GPSRMCRCRP GFTGTYCELH VSDCARNPCA HGGTCHDLEN GLMCTCPAGF SGRRCEVRTS480	
	IDACASSPCF NRATCYTDLS TDTFVCNCPY GFVGSRCEFP VGLPPSFPWV AVSLGVGLAV540	

LLVLLGMVAV AVRQLRLRRP DDGSREAMNN LSDFQKDNLI PAAQLKNTNQ KKELEVDCGL600
DKSNCGKQQN HTLDYNLAPG PLGRGTMPGK FPHSDKSLGE KAPLRLHSEK PECRISAICS660
PRDSMYQSVC LISEERNECV IATEV685

3-7 Secuencias

3-7-1	Identificador de la secuencia	7
3-7-2	Tipo de molécula	AA
3-7-3	Extensión	507
3-7-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..507 note = His-hDLL3(ECD)
3-7-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..507 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-7-5	Residuos	METDTLLLWV LLLWVPGSTG HHHHHHHHHH GGGGSGGGG SAGVFELQIH SFGPGPGPGA60 PRSPCSARLP CRLFFRVCLK PGLSEEAES PCALGAALSA RGPVYTEQPG APAPDLPLPD120 GLLQVPFRDA WPGTFSFIE TWREELGDQI GGPAWSLLAR VAGRRRLAAG GPWARDIQRA180 GAWELRFSYR ARCEPPAVGT ACTRLCRPRS APSRCGPGLR PCAPLEDECE APLVCRAGCS240 PEHGFCEQPG ECRCLEGWTG PLCTVPVSTS SCLSPRGPS ATTGCLVPGP GPCDGNPCAN300 GGSCSETPRS FECTCPRGFY GLRCEVSGVT CADGPCFNGG LCVGGADPDS AYICHCPPGF360 QGSNCEKRVD RCSLQPCRNG GLCLDLGHAL RCRCRAGFAG PRCEHDLDDC AGRACANGGT420 CVEGGGAHRC SCALGFGGRD CRERADPCAA RPCAHGGRCY AHFSGLVAC APGYMGARCE480

FPVHPDGASA LPAAPPGLRP GDPQRYL507

3-8 Secuencias

3-8-1	Identificador de la secuencia	8
3-8-2	Tipo de molécula	AA
3-8-3	Extensión	727
3-8-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..727 note = Fc-hDLL3(ECD)
3-8-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..727 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-8-5	Residuos	

METDTLLLWV LLLWVPGSTG EPKSSDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP KPKDTLMISR60

TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN120

GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR DELTKNQVSL TCLVKGFYPS180

DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSDGSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH240

YTQKSLSLSP GGGGGSGGGG SAGVFELQIH SFGPGPGPGA PRSPCSARLP CRLFFRVCLK300

PGLSEEAES PCALGAALSA RGPVYTEQPG APAPDLPLPD GLLQVPFRDA WPGTFSFIIE360

TWREELGDQI GGPAWSLLAR VAGRRRLAAG GPWARDIQRA GAWELRFSYR ARCEPPAVGT420

ACTRLCRPRS APSRCGPGLR PCAPLEDECE APLVCRAGCS PEHGFCEQPG ECRCLEGWTG480

PLCTVPVSTS SCLSPRGPS ATTGCLVPGP GPCDGNPCAN GGSCSETPRS FECTCPRGFY540

GLRCEVSGVT CADGPCFNNG LCVGGADPDS AYICHCPPGF QGSNCEKRVD RCSLQPCRNG600

GLCLDLGHAL RCRCRAGFAG PRCEHDLDDC AGRACANGGT CVEGGGAHRC SCALFGGGRD660
CRERADPCAA RPCAHGGRCY AHFSGLVAC APGYMGARCE FPVHPDGASA LPAAPPGLRP720
GDPQRYL727

3-9 Secuencias

3-9-1	Identificador de la secuencia	9
3-9-2	Tipo de molécula	AA
3-9-3	Extensión	514
3-9-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..514 note = hDLL3(ECD)-strep twin
3-9-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..514 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-9-5	Residuos	
	METDTLLLWV LLLWVPGSTG AGVFELQIHS FGPGPGPGAP RSPCSARLPC RLFFRVCLKP60	
	GLSEEAESP CALGAALSAR GPVYTEQPGA PAPDLPLPDG LLQVPFRDAW PGTFSEFIET120	
	WREELGDQIG GPAWSLLARV AGRRLAAGG PWARDIQRAG AWELRFSYRA RCEPPAVGTA180	
	CTRLCRPRSA PSRCGPGLRP CAPLEDECEA PLVCRAGCSP EHGFC EQPGE CRCLEGWTGP240	
	LCTVPVSTSS CLSPRGPSA TTGCLVPGPG PCDGNPCANG GSCSETPRSF ECTCPRGFYG300	
	LRCEVSGVTC ADGPCFNGGL CVGGADPDSA YICHCPPGFQ GSNCEKRVDR CSLQPCRNGG360	
	LCLDLGHALR RCRCRAGFAGP RCEHDLDDCA GRACANGGTC VEGGGAHRCS CALFGGGRDC420	
	RERADPCAAR PCAHGGRCYA HFSGLVACA PGYMGARCEF PVHPDGASAL PAAPPGLRPG480	

DPQRYLWSHP QFEKGGGSGG GSGGSAWSHP QFEK514

3-10 Secuencias

3-10-1	Identificador de la secuencia	10
3-10-2	Tipo de molécula	AA
3-10-3	Extensión	514
3-10-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..514 note = cynoDLL3(ECD)-strep twin
3-10-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..514 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-10-5	Residuos	

METDTLLLWV LLLWVPGSTG AGVFELQIHS FGPGP GPGAP RSPCSARGPC RLFFRVCLKP60

GLSEEAESP CALGAALSAR GPVYTEQPEA PAPDLPLPNG LLQVPFRDAW PGTFSLIET120

WREELGDQIG GPAWSLLARV TRRRRLAAGG PWARDIQRAG AWELRFSYRA RCELPAVGTA180

CTRLCRPRSA PSRCGPGLRP CAPLEDECEA PPVCRAGCSL EHGFCEQPGE CRCLEGWTGP240

LCMVPVSTSS CLGLRGPSST TTGCLVPGPG PCDGNPCANG GSCSETPGSF ECTCPRGFYG300

LRCEVSGVTC ADGPCFNGL CVGGADPDSA YICHCPPGFQ GSNCEKRVDR CSLQPCRNGG360

LCLDLGHALR CRCRAGFAGP RCEHLDLDDCA GRACANGGTC VEGGGAHRCS CALGFGGRNC420

RERADPCAAR PCAHGGRCYA HFSGLCVACA PGYMGARCEF PVHPDGVSA PAAPPGLRPG480

DPQRYLWSHP QFEKGGGSGG GSGGSAWSHP QFEK514

3-11 **Secuencias**

3-11-1	Identificador de la secuencia	11
3-11-2	Tipo de molécula	AA
3-11-3	Extensión	514
3-11-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..514 note = mouDLL3(ECD)-strep twin
3-11-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..514 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-11-5	Residuos	
	METDTLLLWV LLLWVPGSTG AGVFELQIHS FGPGPGLGTP RSPCNARGPC RLFFRVCLKP60	
	GVSQEATESL CALGAALSTS VPVYTEHPGE SAAALPLPDG LVRVPFRDAW PGTFSLVIET120	
	WREQLGEHAG GPAWNLLARV VGRRRLAAGG PWARDVQRTG TWELHFSYRA RCEPPAVGAA180	
	CARLCRSRSA PSRCGPGLRP CTPFPDECEA PSVCRPGCSP EHGYCEEPDE CRCLEGWTGP240	
	LCTVPVSTSS CLNSRVPGPA STGCLLPGPG PCDGNPCANG GSCSETSGSF ECACPRGFY300	
	LRCEVSGVTC ADGPCFNGGL CVGGEDPDSA YVCHCPPGFQ GSNCEKRVDR CSLQPCQNGG360	
	LCLDLGHALR CRCRAGFAGP RCEHDLDDCA GRACANGGTC VEGGGSRRCS CALGFGGRDC420	
	RERADPCASR PCAHGGRCYA HFSGLVACA PGYMGVRCEF AVRPDGADAV PAAPRGLRQA480	
	DPQRFLWSHP QFEKGGGSGG GSGGSAWSHP QFEK514	

3-12 **Secuencias**

3-12-1	Identificador de la secuencia	12
--------	-------------------------------	-----------

3-12-2	Tipo de molécula	AA
3-12-3	Extensión	120
3-12-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-12-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = mAb6-VH
3-12-5	Residuos	
	EVQLQQSGPV LVKPGASVKM SCKASGYTFT DYYMNWVKQS HGKSLEWIGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGKATL TVDKSSNTAY MELNSLTSED SAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTSVTVSS120	

3-13 Secuencias

3-13-1	Identificador de la secuencia	13
3-13-2	Tipo de molécula	AA
3-13-3	Extensión	107
3-13-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-13-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = mAb6-VL
3-13-5	Residuos	
	DILMTQSPSS MSVSLGDTVS ITCHASQGIS GNMGWLQQKP GKSFKGLIYH GANLEDGVPS60	

RFSGSGSGAD YSLTISSLES EDFADYYCVQ YAQFPYTFGG GTKLEIK107

3-14 Secuencias

3-14-1	Identificador de la secuencia	14
3-14-2	Tipo de molécula	AA
3-14-3	Extensión	123
3-14-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..123 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-14-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..123 note = mAb100-VH
3-14-5	Residuos	
	EVQLVESGGG LVKPGGSLKL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PEKGLEWVAY ISSGSSTIHY60	
	ADTVKGRFTI SRDNAKNTLF LQMTSLRSED TAMYYCASPL YYYGRSYNAV AYWGQGTSVT120	
	VSS123	

3-15 Secuencias

3-15-1	Identificador de la secuencia	15
3-15-2	Tipo de molécula	AA
3-15-3	Extensión	107
3-15-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein

		organism = Mus musculus
3-15-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107
		note = mAb100-VL

3-15-5	Residuos
	DIQMNQSPSS LSASLGDTIT ITCHASQNIN VWLSWYQQKP GNIPKLLIYK ASDLHTGVPS60
	RFSGSGSGTG FTLTISSLQP EDIATYYCQQ GQSYPLTFGG GTKLEIK107

3-16	Secuencias
-------------	-------------------

3-16-1	Identificador de la secuencia	16
3-16-2	Tipo de molécula	AA
3-16-3	Extensión	5
3-16-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..5
		mol_type = protein
		organism = Mus musculus
3-16-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..5
		note = mAb6-HCDR1
3-16-5	Residuos	
	DYYMN5	

3-17	Secuencias
-------------	-------------------

3-17-1	Identificador de la secuencia	17
3-17-2	Tipo de molécula	AA

3-17-3	Extensión	17
3-17-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..17 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-17-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..17 note = mAb6-HCDR2
3-17-5	Residuos IINPYSGVTI YNHKFKG17	

3-18 Secuencias

3-18-1	Identificador de la secuencia	18
3-18-2	Tipo de molécula	AA
3-18-3	Extensión	11
3-18-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..11 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-18-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..11 note = mAb6-HCDR3
3-18-5	Residuos QDSLDDYAMD Y11	

3-19 Secuencias

3-19-1	Identificador de la secuencia	19
3-19-2	Tipo de molécula	AA
3-19-3	Extensión	11
3-19-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..11 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-19-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..11 note = mAb6-LCDR1
3-19-5	Residuos HASQGISGNM G11	

3-20 Secuencias

3-20-1	Identificador de la secuencia	20
3-20-2	Tipo de molécula	AA
3-20-3	Extensión	7
3-20-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..7 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-20-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..7 note = mAb6-LCDR2
3-20-5	Residuos HGANLED7	

3-21 Secuencias

3-21-1	Identificador de la secuencia	21
3-21-2	Tipo de molécula	AA
3-21-3	Extensión	9
3-21-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..9 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-21-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..9 note = mAb6-LCDR3
3-21-5	Residuos VQYAQFPYT9	

3-22 Secuencias

3-22-1	Identificador de la secuencia	22
3-22-2	Tipo de molécula	AA
3-22-3	Extensión	5
3-22-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..5 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-22-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..5 note = mAb100-HCDR1

3-22-5 Residuos
DSGMH5

3-23 Secuencias

3-23-1 Identificador de la secuencia **23**

3-23-2 Tipo de molécula **AA**

3-23-3 Extensión **17**

3-23-4-1 Características Localización/Calificadores **source 1..17**
mol_type = protein
organism = Mus musculus

3-23-4-2 Características Localización/Calificadores **REGION 1..17**
note = mAb100-HCDR2

3-23-5 Residuos
YISSGSSTIH YADTVKG17

3-24 Secuencias

3-24-1 Identificador de la secuencia **24**

3-24-2 Tipo de molécula **AA**

3-24-3 Extensión **14**

3-24-4-1 Características Localización/Calificadores **source 1..14**
mol_type = protein
organism = Mus musculus

3-24-4-2 Características Localización/Calificadores

REGION 1..14

note = mAb100-HCDR3

3-24-5 Residuos
PLYYYGRSYN AVAY14

3-25 Secuencias

3-25-1 Identificador de la secuencia

25

3-25-2 Tipo de molécula

AA

3-25-3 Extensión

11

3-25-4-1 Características Localización/Calificadores

source 1..11

mol_type = protein

organism = Mus musculus

3-25-4-2 Características Localización/Calificadores

REGION 1..11

note = mAb100-LCDR1

3-25-5 Residuos
HASQNINVWL S11

3-26 Secuencias

3-26-1 Identificador de la secuencia

26

3-26-2 Tipo de molécula

AA

3-26-3 Extensión

7

3-26-4-1 Características Localización/Calificadores

source 1..7

3-26-4-2	Características Localización/Calificadores	mol_type = protein organism = Mus musculus REGION 1..7 note = mAb100-LCDR2
3-26-5	Residuos KASDLHT7	

3-27	Secuencias	
3-27-1	Identificador de la secuencia	27
3-27-2	Tipo de molécula	AA
3-27-3	Extensión	9
3-27-4-1	Características Localización/Calificadores	source 1..9 mol_type = protein organism = Mus musculus
3-27-4-2	Características Localización/Calificadores	REGION 1..9 note = mAb100-LCDR3
3-27-5	Residuos QQGQSYPLT9	

3-28	Secuencias	
3-28-1	Identificador de la secuencia	28
3-28-2	Tipo de molécula	AA

3-28-3	Extensión	330
3-28-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..330
		note = IgG1
3-28-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..330
		mol_type = protein
		organism = synthetic construct
3-28-5	Residuos	
	ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS60	
	GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG120	
	PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN180	
	STYRVVSVLT VLNQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSRDE240	
	LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW300	
	QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK330	

3-29 Secuencias

3-29-1	Identificador de la secuencia	29
3-29-2	Tipo de molécula	AA
3-29-3	Extensión	107
3-29-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107
		note = hu-kappa
3-29-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107
		mol_type = protein

organism = synthetic construct

3-29-5 Residuos
RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ WKVDNALQSG NSQESVTEQD60
SKDSTYSLSS TLTLSKADYE KHKVYACEVT HQGLSSPVTK SFNRGEC107

3-30 Secuencias

3-30-1 Identificador de la secuencia **30**

3-30-2 Tipo de molécula **AA**

3-30-3 Extensión **14**

3-30-4-1 Características Localización/Calificadores **REGION 1..14**
note = mAb100-HCDR3-30

3-30-4-2 Características Localización/Calificadores **source 1..14**
mol_type = protein
organism = synthetic construct

3-30-5 Residuos
PLYHYGRSYN AVAY14

3-31 Secuencias

3-31-1 Identificador de la secuencia **31**

3-31-2 Tipo de molécula **AA**

3-31-3 Extensión **14**

3-31-4-1 Características Localización/Calificadores **REGION 1..14**

3-31-4-2	Características Localización/Calificadores	note = mAb100-HCDR3-31 source 1..14 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-31-5	Residuos PLYYYGRSYN GVAY14	

3-32 Secuencias

3-32-1	Identificador de la secuencia	32
3-32-2	Tipo de molécula	AA
3-32-3	Extensión	120
3-32-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6 VH1
3-32-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-32-5	Residuos EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQRLEWMGI INPYSGVTIY60 NHKFKGRVTI TVDKSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	

3-33 Secuencias

3-33-1	Identificador de la secuencia	33
--------	-------------------------------	-----------

3-33-2	Tipo de molécula	AA
3-33-3	Extensión	120
3-33-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6 VH2
3-33-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-33-5	Residuos	
	EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQRLEWMGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGRVTL TVDKSANTAY MELSSLRSED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	

3-34 Secuencias

3-34-1	Identificador de la secuencia	34
3-34-2	Tipo de molécula	AA
3-34-3	Extensión	120
3-34-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6 VH3
3-34-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-34-5	Residuos	
	EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQRLEWIGI INPYSGVTIY60	

NHKFKGRATL TVDKSANTAY MELSSLRSED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-35 Secuencias

3-35-1	Identificador de la secuencia	35
3-35-2	Tipo de molécula	AA
3-35-3	Extensión	120
3-35-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6 VH4
3-35-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-35-5	Residuos	
	EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGKRLEWMGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGRVTL TVDKSANTAY MELSSLRSED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	

3-36 Secuencias

3-36-1	Identificador de la secuencia	36
3-36-2	Tipo de molécula	AA
3-36-3	Extensión	120
3-36-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6 VH5
3-36-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120

mol_type = protein

organism = synthetic construct

3-36-5 Residuos

EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60

NHKFKGRFVL SVDKSVSTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-37 Secuencias

3-37-1 Identificador de la secuencia

37

3-37-2 Tipo de molécula

AA

3-37-3 Extensión

120

3-37-4-1 Características Localización/Calificadores

REGION 1..120

note = hAb6 VH6

3-37-4-2 Características Localización/Calificadores

source 1..120

mol_type = protein

organism = synthetic construct

3-37-5 Residuos

EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60

NHKFKGRFVL SVDKSSNTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-38 Secuencias

3-38-1 Identificador de la secuencia

38

3-38-2 Tipo de molécula

AA

3-38-3	Extensión	120
3-38-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6 VH7
3-38-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-38-5	Residuos	EVQLVESGGG LVQPGGSLKL SCAASGYTFT DYYMNWVRQA SGKGLEWVGI INPYSGVTIY60 NHKFKGRFTL SVDKSKNTAY LQMNSLKTED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-39 Secuencias

3-39-1	Identificador de la secuencia	39
3-39-2	Tipo de molécula	AA
3-39-3	Extensión	120
3-39-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6VH8
3-39-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-39-5	Residuos	QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQRLEWMGI INPYSGVTIY60 NHKFKGRVTI TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-40 Secuencias

3-40-1	Identificador de la secuencia	40
3-40-2	Tipo de molécula	AA
3-40-3	Extensión	120
3-40-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6VH9
3-40-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-40-5	Residuos	
	QVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGRFVF SLDTSVSTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	

3-41 Secuencias

3-41-1	Identificador de la secuencia	41
3-41-2	Tipo de molécula	AA
3-41-3	Extensión	120
3-41-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6VH10
3-41-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein

organism = synthetic construct

3-41-5 Residuos
QVQLVESGGG LVQPGGSLKL SCAASGFTFS DYIMNWVRQA SGKGLEWVGI INPYSGVTIY60
NHKFKGRFTI SRDDSKNTAY LQMNSLKTED TAVYYCTRQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-42 Secuencias

3-42-1	Identificador de la secuencia	42
3-42-2	Tipo de molécula	AA
3-42-3	Extensión	120
3-42-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6VH11
3-42-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-42-5	Residuos	

EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYIMNWVKQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60
NHKFKGRFVL SVDKSSNTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120

3-43 Secuencias

3-43-1	Identificador de la secuencia	43
3-43-2	Tipo de molécula	AA
3-43-3	Extensión	120

3-43-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6VH12
3-43-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-43-5	Residuos	
	EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVRQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGRFAL SVDKSSNTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	

3-44 **Secuencias**

3-44-1	Identificador de la secuencia	44
3-44-2	Tipo de molécula	AA
3-44-3	Extensión	120
3-44-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..120 note = hAb6VH13
3-44-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..120 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-44-5	Residuos	
	EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMNWVKQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGRFAL SVDKSSNTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	

3-45 Secuencias

3-45-1	Identificador de la secuencia	45
3-45-2	Tipo de molécula	AA
3-45-3	Extensión	107
3-45-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = hAb6 VL1
3-45-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-45-5	Residuos	
	DIQMTQSPSS LSASVGDRVIT CHASQGIS GNMGWLQQKP GKAPKGLIYH GANLEDGVPS60	
	RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCVQ YAQFPYTFGG GTKVEIK107	

3-46 Secuencias

3-46-1	Identificador de la secuencia	46
3-46-2	Tipo de molécula	AA
3-46-3	Extensión	107
3-46-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = hAb6 VL2
3-46-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct

3-46-5 Residuos

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQGIS GNMGWLQQKP GKAPKGLIYH GANLEDGVPS60

RFSGSGSGAD YTLTISSLQP EDFATYYCVQ YAQFPYTFGG GTKVEIK107

3-47 Secuencias

3-47-1	Identificador de la secuencia	47
3-47-2	Tipo de molécula	AA
3-47-3	Extensión	107
3-47-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = hAb6 VL3
3-47-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-47-5	Residuos	

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQGIS GNMGWLQQKP GKSFKGLIYH GANLEDGVPS60

RFSGSGSGAD YTLTISSLQP EDFATYYCVQ YAQFPYTFGG GTKVEIK107

3-48 Secuencias

3-48-1	Identificador de la secuencia	48
3-48-2	Tipo de molécula	AA
3-48-3	Extensión	107
3-48-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107

3-48-4-2	Características Localización/Calificadores	note = hAb6 VL4 source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-48-5	Residuos	
	DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQGIS GNMGWLQQKP GKAPKGLIYH GANLEDGVPS60	
	RFSGSGSGAD YTLTISSLQP EDFADYYCVQ YAQFPYTFGG GTKVEIK107	

3-49 Secuencias

3-49-1	Identificador de la secuencia	49
3-49-2	Tipo de molécula	AA
3-49-3	Extensión	107
3-49-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = hAb6VL5
3-49-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-49-5	Residuos	
	DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQGIS GNMGWFQQKP GKAPKSLIYH GANLEDGVPS60	
	RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCVQ YAQFPYTFGG GTKVEIK107	

3-50 Secuencias

3-50-1	Identificador de la secuencia	50
3-50-2	Tipo de molécula	AA
3-50-3	Extensión	123
3-50-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..123 note = hAb100 VH1
3-50-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..123 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-50-5	Residuos	EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PGKGLEWVS Y ISSGSSTIHY60 ADTVKGRFTI SRD NAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCASPL YYYGRSYNAV AYWGQGTTVT120 VSS123

3-51 Secuencias

3-51-1	Identificador de la secuencia	51
3-51-2	Tipo de molécula	AA
3-51-3	Extensión	123
3-51-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..123 note = hAb100 VH2
3-51-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..123 mol_type = protein organism = synthetic construct

3-51-5 Residuos

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PGKGLEWVAY ISSGSSTIHY60

ADTVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCASPL YYYGRSYNAV AYWGQGTTVT120

VSS123

3-52 Secuencias

3-52-1	Identificador de la secuencia	52
3-52-2	Tipo de molécula	AA
3-52-3	Extensión	123
3-52-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..123 note = hAb100 VH3
3-52-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..123 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-52-5	Residuos	

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PGKGLEWVAY ISSGSSTIHY60

ADTVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCASPL YHYGRSYNAV AYWGQGTTVT120

VSS123

3-53 Secuencias

3-53-1	Identificador de la secuencia	53
3-53-2	Tipo de molécula	AA

3-53-3	Extensión	123
3-53-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..123 note = hAb100 VH4
3-53-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..123 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-53-5	Residuos	EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PGKGLEWVAY ISSGSSTIHY60 ADTVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCASPL YYYGRSYNGV AYWGQGTTVT120 VSS123

3-54 Secuencias

3-54-1	Identificador de la secuencia	54
3-54-2	Tipo de molécula	AA
3-54-3	Extensión	123
3-54-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..123 note = hAb100VH5
3-54-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..123 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-54-5	Residuos	QVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PGKGLEWVSY ISSGSSTIHY60

ADTVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCARPL YYYGRSYNAV AYWGQGTTVT120

VSS123

3-55 Secuencias

3-55-1	Identificador de la secuencia	55
3-55-2	Tipo de molécula	AA
3-55-3	Extensión	107
3-55-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = hAb100 VL1
3-55-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-55-5	Residuos	
	DIQMTQSPSS LSASVGDRVIT CHASQNIN VWLSWYQQKPKV PKLLIYK ASDLHTGVPS60	
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQQGQSYPLTFGGGTKVEIK107	

3-56 Secuencias

3-56-1	Identificador de la secuencia	56
3-56-2	Tipo de molécula	AA
3-56-3	Extensión	107
3-56-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..107 note = hAb100 VL2

3-56-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..107 mol_type = protein organism = synthetic construct
----------	--	--

3-56-5	Residuos
	DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQNIN VWLSWYQQKP GKIPKLLIYK ASDLHTGVPS60
	RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDVATYYCQQ GQSYPLTFGG GTKVEIK107

3-57	Secuencias
-------------	-------------------

3-57-1	Identificador de la secuencia	57
3-57-2	Tipo de molécula	AA
3-57-3	Extensión	14
3-57-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..14 note = hAb100 HCDR3-57
3-57-4-2	Características Localización/Calificadores	VARIANT 4 note = Xaa is Y or H.
3-57-4-3	Características Localización/Calificadores	VARIANT 11 note = Xaa is A or G.
3-57-4-4	Características Localización/Calificadores	source 1..14 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-57-5	Residuos	
	PLYXYGRSYN XVAY14	

3-58 Secuencias

3-58-1	Identificador de la secuencia	58
3-58-2	Tipo de molécula	AA
3-58-3	Extensión	450
3-58-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..450 note = Hu6-HC
3-58-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..450 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-58-5	Residuos	
	EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT DYIMNWVRQA PGQGLEWMGI INPYSGVTIY60	
	NHKFKGRFAL SVDKSSNTAY LQISSLKAED TAVYYCARQD SLLDYAMDYW GQGTTVTVSS120	
	ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS180	
	GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG240	
	PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN300	
	STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSRDE360	
	LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW420	
	QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK450	

3-59 Secuencias

3-59-1	Identificador de la secuencia	59
--------	-------------------------------	-----------

3-59-2	Tipo de molécula	AA
3-59-3	Extensión	214
3-59-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..214 note = Hu6-LC
3-59-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..214 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-59-5	Residuos	
	DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQGIS GNMGWLQQKP GKAPKGLIYH GANLEDGVPS60	
	RFSGSGSGAD YLTISLQP EDFADYYCVQ YAQFPYTFGG GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP120	
	SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT180	
	LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC214	

3-60 Secuencias

3-60-1	Identificador de la secuencia	60
3-60-2	Tipo de molécula	AA
3-60-3	Extensión	453
3-60-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..453 note = Hu100-HC
3-60-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..453 mol_type = protein organism = synthetic construct

3-60-5 Residuos

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS DSGMHWIRQA PGKGLEWVSY ISSGSSTIHY60

ADTVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCASPL YYYGRSYNAV AYWGQGTTVT120

VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL180

QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL240

LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE300

QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS360

RDELTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSGGSF FLYSKLTVDK420

SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTQKSLSLS PGK453

3-61 Secuencias

3-61-1	Identificador de la secuencia	61
3-61-2	Tipo de molécula	AA
3-61-3	Extensión	214
3-61-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..214 note = Hu100-LC
3-61-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..214 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-61-5	Residuos	

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCHASQNIN VWLSWYQQKP GKVPKLLIYK ASDLHTGVPS60

RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDVATYYCQQ GQSYPLTFGG GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP120

SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT180
LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC214

3-62 Secuencias

3-62-1	Identificador de la secuencia	62
3-62-2	Tipo de molécula	AA
3-62-3	Extensión	454
3-62-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..454 note = BI-764532-HC
3-62-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..454 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-62-5	Residuos	
	QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYVHWVRQA PGQGLEWMVI INPGGGTTSY60	
	AQKFLGRVTM TRDTSTNTVY MELKSLRSED TAVYYCARGE AVTGNYFYYG MDVWGQGTTV120	
	TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV180	
	LQSSGLYSLS SVVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE240	
	LLGGPSVFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE300	
	EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP360	
	SRDELTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSGDS FFLYSKLTVD420	
	KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK454	

3-63 Secuencias

3-63-1	Identificador de la secuencia	63
3-63-2	Tipo de molécula	AA
3-63-3	Extensión	214
3-63-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..214 note = BI-764532-LC
3-63-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..214 mol_type = protein organism = synthetic construct
3-63-5	Residuos	
	DIQMTQSPSA MSASVGDRVT ITCRASQGIS NYLVWFQQKP GKAPKRLIYA VSSLYSGVPS60	
	RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCLQ HDSYPYTFGQ GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP120	
	SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT180	
	LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC214	

3-64 Secuencias

3-64-1	Identificador de la secuencia	64
3-64-2	Tipo de molécula	AA
3-64-3	Extensión	448
3-64-4-1	Características Localización/Calificadores	REGION 1..448 note = C25-HC
3-64-4-2	Características Localización/Calificadores	source 1..448

mol_type = protein
organism = synthetic construct

3-64-5 Residuos

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT NSWIGWFRQA PGQGLEWIGD IYPGGGYTNY60

NEIFKGKATM TADTSTNTAY MELSSLRSED TAVYYCSRGI PGYAMDYWGQ GTLVTVSSAS120

TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL180

YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS240

VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST300

YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDEL360

KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ420

GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK448

3-65 Secuencias

3-65-1 Identificador de la secuencia **65**

3-65-2 Tipo de molécula **AA**

3-65-3 Extensión **220**

3-65-4-1 Características Localización/Calificadores **REGION 1..220**
note = C25-LC

3-65-4-2 Características Localización/Calificadores **source 1..220**
mol_type = protein
organism = synthetic construct

3-65-5 Residuos

DIQMTQSPSS LSASVGDRV T MSCKSSQSLL NSGDQKNYLT WYQQKPGKAP KLLIWASTG60

ESGVPSRFSG SGSGTDFTFT ISSLQPEDIA TYYCQNDYSY PWTFGQGTKV EIKRTVAAPS120

VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSTYS180

LSSTLTLSKA DYEKHKVYAC EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC220
