



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



(11) Número de publicación: **2 325 541**

(51) Int. Cl.:

C07K 16/46 (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(96) Número de solicitud europea: **05020889 .1**

(96) Fecha de presentación : **18.08.1993**

(97) Número de publicación de la solicitud: **1621554**

(97) Fecha de publicación de la solicitud: **01.02.2006**

(54) Título: **Inmunoglobulinas desprovistas de cadenas ligeras.**

(30) Prioridad: **21.08.1992 EP 92402326**
21.05.1993 EP 93401310

(73) Titular/es: **Vrije Universiteit Brussel**
Pleinlaan 2
1050 Brussel, BE

(45) Fecha de publicación de la mención BOPI:
08.09.2009

(72) Inventor/es: **Casterman, Cécile y**
Hamers, Raymond

(45) Fecha de la publicación del folleto de la patente:
08.09.2009

(74) Agente: **Justo Bailey, Mario de**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Inmunoglobulinas desprovistas de cadenas ligeras.

5 La invención se refiere a nuevas inmunoglobulinas aisladas que están desprovistas de cadenas polipeptídicas ligeras. Estas inmunoglobulinas no consisten en los productos de degradación de las inmunoglobulinas compuestas tanto de cadenas polipeptídicas pesadas como de cadenas polipeptídicas ligera, sino que por el contrario, la invención define un nuevo miembro de la familia de las inmunoglobulinas, especialmente un nuevo tipo de moléculas capaces de estar implicadas en el reconocimiento inmune. Tales inmunoglobulinas pueden usarse para varios propósitos, especialmente para propósitos de diagnóstico o terapéuticos, incluyendo la protección frente a los agentes patológicos o la regulación de la expresión o la actividad de las proteínas.

10 Hasta ahora, la estructura propuesta para las inmunoglobulinas consiste en un modelo de cuatro cadenas que se refiere a la presencia de dos cadenas polipeptídicas ligeras idénticas (cadenas ligeras) y dos cadenas polipeptídicas pesadas idénticas (cadenas pesadas) unidas mediante puentes disulfuro para formar macromoléculas con forma de Y o de T. Estas cadenas están compuestas por una región constante y una región variable, estando la región constante subdividida en varios dominios. Las dos cadenas polipeptídicas pesadas se unen normalmente mediante puentes disulfuro en una denominada "región bisagra" situada entre el primer y segundo dominios de la región constante.

15 20 Entre las proteínas que forman la clase de las inmunoglobulinas, la mayoría de ellas son anticuerpos y en consecuencia, presentan un sitio de unión al antígeno o varios sitios de unión al antígeno.

25 Según el modelo de cuatro cadenas, el sitio de unión al antígeno de un anticuerpo se localiza en los dominios variables de cada una de las cadenas pesada y ligera y requiere la asociación de los dominios variables de las cadenas pesada y ligera.

30 Para la definición de estas inmunoglobulinas de modelo de cuatro cadenas, se hace referencia a Roitt. 1 *et al.* (Immunology-second-Edition Gower Medical Publishing USA, 1989). La referencia se hace especialmente a la parte concerniente a la definición de las inmunoglobulinas de cuatro cadenas, a sus estructuras polipeptídicas y genéticas, a la definición de sus regiones variables y constantes y a la obtención de los fragmentos producidos por la degradación enzimática según técnicas bien conocidas.

35 Los inventores han establecido sorprendentemente que pueden aislarse moléculas diferentes a partir de animales que las producen naturalmente, moléculas que tienen propiedades funcionales de inmunoglobulinas, estando esas funciones relacionadas en algunos casos con elementos estructurales que son distintos de los implicados en la función de las inmunoglobulinas de cuatro cadenas debido, por ejemplo, a la ausencia de cadenas ligeras.

40 45 La invención se refiere a inmunoglobulinas del modelo de dos cadenas que no corresponden ni con los fragmentos obtenidos por ejemplo mediante la degradación, en particular la degradación enzimática, de una inmunoglobulina del modelo de cuatro cadenas, ni corresponde con la expresión en las células huésped del ADN que codifica para la región constante o la variable de una inmunoglobulina natural del modelo de cuatro cadenas o con una parte de estas regiones, ni corresponde con los anticuerpos producidos en las linfopatías, por ejemplo, en ratones, ratones, ratas o humanos.

E.S. Ward *et al.* (1) ha descrito algunos experimentos realizados en los dominios variables de las cadenas polipeptídicas pesadas (V_H) o/y en las cadenas polipeptídicas ligeras (V_K/F_v) para probar la capacidad de estos dominios variables para unir antígenos específicos. Para este propósito, se preparó una librería de genes V_H a partir del ADN genómico del bazo del ratón inmunizado previamente con estos antígenos específicos.

50 Ward *et al.* han descrito en su publicación que los dominios V_H son relativamente adhesivos, presumiblemente debido a la superficie hidrófoba expuesta, normalmente tapada por los dominios V_K o V_L . Por consiguiente, ellos se imaginaron que debería ser posible diseñar dominios V_H que tuvieran propiedades mejoradas y además, que los dominios V_H con actividades de unión pudieran servir como los componentes básicos para fabricar fragmentos variables (fragmentos F_v) o anticuerpos completos.

55 La publicación de Blier P.R. *et al* (The Journal of Immunology, vol. 139, 3996-4006, nº 12, 15 de diciembre de 1987) describe la siguiente secuencia de aminoácidos: QVQLQQPGABLKGPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWV KQRPGRGREWIGRIDPNSSGKTYNEKFKSATLTVDKPBSTAYMQLSSLTSEDSAVYYCAR.

60 La invención no parte de la idea de que los diferentes fragmentos (cadenas ligeras y pesadas) y los diferentes dominios de estos fragmentos de la inmunoglobulina del modelo de cuatro cadenas pueda modificarse para definir sitios de unión al antígeno nuevos o mejorados o una inmunoglobulina del modelo de cuatro cadenas.

65 Los inventores han determinado que las inmunoglobulinas pueden tener una estructura diferente al modelo conocido de cuatro cadenas y que tales inmunoglobulinas diferentes ofrecen nuevos medios para la preparación de reactivas de diagnóstico, agentes terapéuticos o cualquier otro reactivo para su uso en investigación o para propósitos industriales.

ES 2 325 541 T3

Por tanto, la invención proporciona nuevas inmunoglobulinas que son capaces de mostrar propiedades funcionales de las inmunoglobulinas del modelo de cuatro cadenas, aunque su estructura parezca ser más apropiada en muchas circunstancias para su uso, su preparación y en algunos casos, para su modificación. Además, estas moléculas pueden considerarse como estructuras principales para la modificación de otras inmunoglobulinas. Las ventajas proporcionadas por estas inmunoglobulinas comprenden la posibilidad de prepararlas con una mayor facilidad.

De acuerdo con esto, la invención se refiere a inmunoglobulinas caracterizadas porque comprenden dos cadenas polipeptídicas pesadas suficientes para la formación de un sitio completo de unión al antígeno o de varios sitios de unión al antígeno, estando además estas inmunoglobulinas desprovistas de cadenas polipeptídicas ligeras. Estas inmunoglobulinas se caracterizan además por el hecho de que son el producto de la expresión en una célula huésped procariótica o eucariótica, de un ADN o de un ADNc que tiene la secuencia de una inmunoglobulina desprovista de cadenas ligeras, obtenible a partir de linfocitos o de otras células de camélidos.

Las inmunoglobulinas de la invención pueden obtenerse, por ejemplo, a partir de las secuencias que se describen en la figura 7.

Las inmunoglobulinas de la invención, que están desprovistas de cadenas ligeras, están de manera que los dominios variables de sus cadenas pesadas tengan propiedades que difieren de las de los VH de la inmunoglobulina de cuatro cadenas. El dominio variable de una inmunoglobulina de cadena pesada de la invención no tiene sitios de interacción normales con el dominio V_I , ni con el C_H1 que no existe en las inmunoglobulinas de cadena pesada. Por lo tanto, es un fragmento novedoso en muchas de sus propiedades, tal como la solubilidad y la posición del sitio de unión. Por razones de claridad, lo llamaremos VHH en este texto para distinguirlo de los VH clásicos de las inmunoglobulinas de cuatro cadenas.

Por "un sitio de unión al antígeno completo" se quiere decir, de acuerdo con la invención, un sitio que permitirá por sí solo el reconocimiento y la unión completa de un antígeno. Esto podría verificarse mediante cualquier método conocido con respecto a los ensayos de la afinidad de la unión.

Algunas veces serán denominadas "inmunoglobulinas de cadenas pesadas" en las siguientes páginas. Preferiblemente estas inmunoglobulinas están en una forma pura.

Las inmunoglobulinas son obtenidas en células procarióticas, especialmente en células de *E. coli* por un proceso que comprende los pasos de:

- 35 a) clonar en un vector Bluescript una secuencia de ADN o ADNc que codifica para el dominio V_{HH} de una inmunoglobulina desprovista de cadena ligera obtenida por ejemplo a partir de linfocitos o Camellos,
- 40 b) recuperar el fragmento clonado después de la amplificación usando un cebador 5' que contiene un sitio *Xho* y un cebador 3' que contiene el sitio *Spe* que tiene la siguiente secuencia TC TTA ACT AGT GAG GAG ACG GTG ACC TG,
- 45 c) clonar el fragmento recuperado en fase en el vector inmuno PBS después de la digestión del vector con las enzimas de restricción *Xho* y *Spe*,
- 50 d) transformar las células hospederas, especialmente de *E. coli* por transfección con el vector inmuno PBS recombinante del paso c;
- e) recuperar el producto de expresión de la secuencia de codificación de V_{HH} , por ejemplo usando anticuerpos cultivados contra el dominio V_{HH} del dromedario.

Las inmunoglobulinas pueden ser inmunoglobulinas heteroespecíficas obtenidas por un proceso que comprende los pasos de:

- 55 - obtener una primera secuencia de ADN o ADNc que codifica para un dominio V_{HH} o parte del mismo que tiene una especificidad determinada contra un antígeno dado y comprendido entre los sitios *Xho* y *Spe*,
- 60 - obtener una segunda secuencia de ADN o ADNc que codifica para un dominio V_{HH} o parte del mismo, que tiene una especificidad determinada diferente de la especificidad de la primera secuencia de ADN o ADNc y comprendida entre los sitios *Spe* y *EcoRI*,
- digerir un vector inmuno PBS con las enzimas de restricción *EcoRI* y *XhoI*,
- ligar las secuencias obtenidas de ADN o de ADNc que codifican para los dominios V_{HH} , de manera que las secuencias de ADN o de ADNc se donen en serie en el vector,
- transformar una célula huésped, especialmente la célula *E. coli*, mediante transfección y recuperar las inmunoglobulinas obtenidas.

ES 2 325 541 T3

En una realización, las inmunoglobulinas son obtenibles mediante un proceso que comprende las etapas de:

- obtener una secuencia de ADN o de ADNc que codifique para un dominio V_{HH} o para una parte del mismo, que tenga un determinado sitio específico de unión al antígeno,

5 - amplificar el ADN o el ADNc obtenido usando un cebador 5' que contenga un codón de iniciación y un sitio *HindIII*, y un cebador 3' que contenga un codón de terminación que tenga un sitio *XhoI*, recombinar el ADN o el ADNc amplificado en los sitios *HindIII* (posición 2650) y *XhoI* (posición 4067) de un plásmido pMM984,

10 - transfectar las células permisivas, especialmente las células NB-E, con el plásmido recombinante,

- recuperar los productos obtenidos.

15 La expresión correcta puede verificarse con anticuerpos dirigidos contra una región de un dominio V_{HH} , especialmente mediante un ensayo ELISA.

De acuerdo con otra realización particular de este proceso, las inmunoglobulinas se donan en un parvovirus.

20 En otro ejemplo, estas inmunoglobulinas son obtenibles mediante un proceso que comprende la donación adicional de una segunda secuencia de ADN o de ADNc que tiene otro sitio determinado de unión al antígeno, en el plásmido pMM984.

25 Tal inmunoglobulina puede caracterizarse además porque es obtenible mediante un proceso en el que el vector es Yep 52 y la célula recombinante transformada es una levadura, especialmente *S. cerevisiae*.

30 Una inmunoglobulina particular se caracteriza porque tiene una actividad catalítica, especialmente porque está dirigida contra un antígeno que imita un estado activado de un sustrato dado. Estos anticuerpos catalíticos pueden modificarse en el nivel de su sitio de unión, mediante mutagénesis al azar o dirigida, con el fin de incrementar o modificar su función catalítica. Puede hacerse referencia a la publicación de Lerner *et al* (TIBS, noviembre de 1987, 427-430) para la técnica general para la preparación de tales inmunoglobulinas catalíticas.

35 De acuerdo con un ejemplo preferido, las inmunoglobulinas se caracterizan porque sus regiones variables contienen, en la posición 45, un aminoácido que es diferente de un residuo de leucina, prolina o glutamina.

Además, las inmunoglobulinas de cadena pesada no son productos característicos de los linfocitos de los animales ni de los linfocitos de un paciente humano que sufre de linfopatías. Tales inmunoglobulinas producidas en las linfopatías son monoclonales en su origen y resultan de mutaciones patogénicas en el nivel genómico. Aparentemente no tienen sitio de unión al antígeno.

40 Las dos cadenas polipeptídicas pesadas de estas inmunoglobulinas pueden unirse mediante una región bisagra, de acuerdo con la definición de Roitt *et al*.

45 En un ejemplo particular, las inmunoglobulinas correspondientes a las moléculas definidas anteriormente son capaces de actuar como anticuerpos.

El sitio(s) de unión al antígeno de las inmunoglobulinas de la invención se localizan en la región variable de la cadena pesada.

50 En un grupo particular de estas inmunoglobulinas, cada cadena polipeptídica pesada contiene un sitio de unión al antígeno en su región variable, y estos sitios corresponden con la misma secuencia de aminoácidos.

55 En un ejemplo adicional, las inmunoglobulinas se caracterizan porque sus cadenas polipeptídicas pesadas contienen una región variable (V_{HH}) y una región constante (C_H), de acuerdo con la definición de Roitt *et al*, pero están desprovistas del primer dominio de su región constante. Este primer dominio de la región constante se denomina C_H1 .

Estas inmunoglobulinas que no tienen el dominio C_H1 están de manera que la región variable de sus cadenas se une directamente a la región bisagra en la parte C-terminal de la región variable.

60 Las inmunoglobulinas del tipo descrito anteriormente en este documento pueden comprender las inmunoglobulinas de tipo G y especialmente, las inmunoglobulinas que se definen como inmunoglobulinas de clase 2 (IgG2) o inmunoglobulinas de clase 3 (IgG3).

65 La ausencia de cadena ligera y del primer dominio constante conduce a una modificación de la nomenclatura de los fragmentos de inmunoglobulinas obtenidos por digestión enzimática, de acuerdo con Roitt *et al*.

Los términos Fc y pFc por una parte, y Fc' y pFc' por la otra, correspondientes respectivamente a los fragmentos de la digestión de papaina y pepsina, se mantienen.

ES 2 325 541 T3

Los términos Fab, F(ab)₂, F(ab')₂, Fabc, Fd y Fv ya no son aplicables en su sentido original, ya que estos fragmentos tienen, o bien una cadena ligera, la parte variable de la cadena ligera o el dominio C_H1.

Los fragmentos obtenidos por la digestión de papaína y compuestos por el dominio VHH de la región bisagra, se 5 denominarán FV_{VHH}h o F(V_{VHH}h)₂, dependiendo de si permanecen o no unidos mediante puentes disulfuro.

Las inmunoglobulinas que responden a las definiciones dadas anteriormente en este documento pueden originarse 10 a partir de animales, especialmente a partir de animales de la familia de los camélidos. Los inventores han encontrado que las inmunoglobulinas de cadena pesada que están presentes en los camélidos no están asociadas con una situación patológica que induciría a la producción de anticuerpos anormales con respecto a las inmunoglobulinas de cuatro cadenas. Partiendo de la base de un estudio comparativo de camélidos del viejo mundo (*Camelus bactrianus* y *Camelus dromedarius*) y de camélidos del nuevo mundo (por ejemplo *Lama Paccos*, *Lama Glama* y *Lama Vicugna*), los inventores han demostrado que las inmunoglobulinas de la invención, que están desprovistas de cadenas polipeptídicas 15 ligeras, se encuentran en todas las especies. No obstante, las diferencias pueden ser evidentes en el peso molecular de estas inmunoglobulinas, dependiendo de los animales. En especial, el peso molecular de una cadena pesada contenida en estas inmunoglobulinas puede ser desde aproximadamente 43 kd hasta aproximadamente 47 kd, en particular, 45 kd.

Ventajosamente, las inmunoglobulinas de cadena pesada de la invención se secretan en la sangre de los camélidos. 20

Las inmunoglobulinas de acuerdo con este ejemplo particular son obtenibles mediante purificación a partir de suero de camélidos, y un proceso para la purificación se describe en detalle en los ejemplos. En el caso en el que las inmunoglobulinas se obtienen a partir de los Camélidos, las inmunoglobulinas no están en su entorno biológico natural. 25

La inmunoglobulina IgG2 como obtenible mediante purificación a partir del suero de los camélidos puede caracterizarse porque:

- no se adsorbe mediante cromatografía en columna de Sepharosa Proteína G
- 30 - se adsorbe mediante cromatografía en columna de Sepharosa Proteína A
- tiene un peso molecular de alrededor de 100 kd tras la elución con un tampón de pH 4,5 (NaCl 0,15 M, ácido acético al 0,58%), ajustado a pH 4,5 mediante NaOH),
- 35 - consiste en cadenas polipeptídicas pesadas γ2 de un peso molecular de alrededor de 46 kd, preferiblemente de 45 tras reducción.

Otro grupo de inmunoglobulinas correspondientes a IgG3, obtenibles mediante purificación a partir del suero de los Camélidos, se caracteriza porque la inmunoglobulina:

- se adsorbe mediante cromatografía en una columna de Sepharosa Proteína A,
- 45 - tiene un peso molecular de alrededor de 100 kd tras la elución con un tampón de pH 3,5 (NaCl 0,15 M, ácido acético al 0,58%),
- se adsorbe mediante cromatografía en una columna de Sepharosa Proteína G y se eluye con un tampón a pH 3,5 (NaCl 0,15 M, ácido acético al 0,58%),
- 50 - consiste en cadenas polipeptídicas pesadas γ3 de un peso molecular de alrededor de 45 kd, en particular entre 43 y 47 kd tras reducción.

Las inmunoglobulinas de la invención que están desprovistas de cadenas ligeras, comprenden no obstante en sus cadenas pesadas, una región constante y una región variable. La región constante comprende diferentes dominios.

La región variable de las inmunoglobulinas de la invención comprende estructuras (FW) y regiones que determinan 60 la complementariedad (CDR), especialmente 4 estructuras y 3 regiones de complementariedad. Se distingue de las inmunoglobulinas de cuatro cadenas, especialmente por el hecho de que esta región variable puede contener por sí misma uno o varios sitios de unión al antígeno, sin contribución de la región variable de una cadena ligera que está ausente.

ES 2 325 541 T3

Las secuencias de aminoácidos de las estructuras 1 y 4 comprenden, entre otros, secuencias de aminoácidos respectivamente que pueden seleccionarse de los siguientes:

para el dominio de la estructura 1

5 G G S V Q T G G S L R L S C E I S G L T F D
10 G G S V Q T G G S L R L S C A V S G F S F S
15 G G S E Q G G G S L R L S C A I S G Y T Y G
20 G G S V Q P G G S L T L S C T V S G A T Y S
25 G G S V Q A G G S L R L S C T G S G F P Y S
30 G G S V Q A G G S L R L S C V A G F G T S
35 G G S V Q A G G S L R L S C V S F S P S S

para el dominio de la estructura 4

25 W G Q G T Q V T V S S
30 W G Q G T L V T V S S
35 W G Q G A Q V T V S S
40 W G Q G T Q V T A S S
45 R G Q G T Q V T V S L

50 para el dominio CDR3

40 A L Q P G G Y C G Y G X - - - - - - - - - C L
45 V S L M D R I S Q H - - - - - - - - - G C
50 V P A H L G P G A I L D L K K Y - - - - - K Y
55 F C Y S T A G D G G S G E - - - - - - - M Y
60 E L S G G S C E L P L L F - - - - - - - D Y
65 D W K Y W T C G A Q T G G Y F - - - - - G Q
70 R L T E M G A C D A R W A T L A T R T F A Y N Y
75 Q K K D R T R W A E P R E W - - - - - - - N N
80 G S R F S S P V G S T S R L E S - S D Y - - N Y
85 A D P S I Y Y S I L X I E Y - - - - - - - K Y
90 D S P C Y M P T M P A P P I R D S F G W - - D D
95 T S S F Y W Y C T T A P Y - - - - - - - N V
100 T E I E W Y G C N L R T T F - - - - - - - T R
105 N Q L A G G W Y L D P N Y W L S V G A Y - - A I
110 R L T E M C A C D A R W A T L A T R T F A Y N Y
115 D G W T R K E G G I G L P W S V Q C E D G Y N Y
120 D S Y P C H L L - - - - - - - - - D V
125 V E Y P I A D M C S - - - - - - - - - R Y

ES 2 325 541 T3

Tal como se ha afirmado anteriormente, las inmunoglobulinas de la invención están preferiblemente desprovistas de la totalidad de su dominio C_H1.

5 Tales inmunoglobulinas comprenden los dominios C_H2 y C_H3 en la región C-terminal con respecto a la región bisagra.

La región constante de las inmunoglobulinas comprende los dominios C_H2 y C_H3 que comprenden una secuencia de aminoácidos seleccionada de las siguientes:

10 para el dominio C_H2:

APELLGGPTVFIFPPPKPKDVLSITLTP
APELPGGPSVVFPTKPKDVLSISGRP
APELPGGPSVVFPPPKPKDVLSISGRP
APELLGGPSVIFPPPKPKDVLSISGRP

20 para el dominio C_H3:

GQTREPQVYTLA
GQTREPQVYTLAPXRLEL
GQPREPQVYTLPPSRDEL
GQPREPQVYTLPPSREEM
GQPREPQVYTLPPSQEEM

40 Resulta interesante que los inventores han demostrado que la región bisagra de las inmunoglobulinas de la invención puede presentar longitudes variables. Cuando estas inmunoglobulinas actúen como anticuerpos, la longitud de la región bisagra participará de la determinación de la distancia separando los sitios de unión al antígeno.

Preferiblemente, una inmunoglobulina de acuerdo con la invención se caracteriza porque su región bisagra comprende desde 0 hasta 50 aminoácidos.

45 Las secuencias particulares de la región bisagra de las inmunoglobulinas de la invención son las siguientes:

50 **GTNEVCKCPKCP**

○,

55 **EPKIPQPQPQPQPQPQPKPQPKPEPECTCPKCP**

60 La región bisagra corta corresponde a una molécula de IgG3 y la secuencia bisagra larga corresponde a una molécula IgG2.

65 Los V_{HH} aislados derivados de las inmunoglobulinas de cadena pesada o de las librerías de V_{HH} correspondientes a las inmunoglobulinas de cadena pesada, pueden distinguirse de la clonación de los V_{HH} de las inmunoglobulinas modelo de cuatro cadenas partiendo de la base de las características de la secuencia que caracteriza las inmunoglobulinas de cadena pesada.

ES 2 325 541 T3

La región V_{HH} de la inmunoglobulina de cadena pesada del camello muestra varias diferencias con las regiones V_{HH} derivadas de las inmunoglobulinas de 4 cadenas de todas las especies examinadas. A los niveles de los residuos implicados en las interacciones V_{HH}/V_L , se observa una diferencia importante a nivel de la posición 45 (FW) que es leucina prácticamente siempre en las inmunoglobulinas de 4 cadenas (98%), siendo los otros aminoácidos en esta 5 posición prolina (1%) o glutamina (1%).

En la inmunoglobulina de cadena pesada del camello, en las secuencias examinadas en la actualidad, la leucina en la posición 45 sólo se encuentra una vez. Podría originarse a partir de una inmunoglobulina de cuatro cadenas. En otros casos, se sustituye por un residuo de arginina, cisteína o ácido glutámico. La presencia de aminoácidos cargados 10 en esta posición debe contribuir a hacer que el V_{HH} sea más soluble.

La sustitución por residuos específicos del camélido, tales como aquellos de la posición 45, parece ser interesante para la construcción de las regiones VHH diseñadas derivadas del repertorio de \tilde{V}_{HH} de las inmunoglobulinas de 4 15 cadenas.

Una segunda característica específica del dominio VHH del camélido es la presencia frecuente de una cisteína en la 20 región CDR₃ asociada con una cisteína en la posición 31 ó 33 del CDR₁ o la región FW2 en la posición 45. La posibilidad de establecer un puente disulfuro entre la región CDR₃ y el resto del dominio variable contribuiría a la estabilidad y la colocación del sitio de unión.

Con la excepción de una proteína única del mieloma patogénico (DAW), tal puente disulfuro nunca se ha encontrado 25 en las regiones V de la inmunoglobulina derivada de las inmunoglobulinas de 4 cadenas.

Las inmunoglobulinas de cadena pesada tienen la ventaja particular adicional de no ser adhesivas. De acuerdo con esto, estas inmunoglobulinas que están presentes en el suero, se agregan mucho menos que las cadenas pesadas aisladas de un inmunoglobulina de cuatro cadenas. Las inmunoglobulinas de la invención son solubles a una concentración superior a 0,5 mg/ml, preferiblemente superior a 1 mg/ml y más ventajosamente por encima de 2 mg/ml.

Estas inmunoglobulinas llevan además un amplio repertorio de unión al antígeno y sufren maduración de afinidad 30 y especificidad *in vivo*. De acuerdo con esto, permiten el aislamiento y la preparación de anticuerpos que tienen especificidad definida por lo que se refiere a antígenos determinados.

Otra propiedad interesante de las inmunoglobulinas es que pueden modificarse y adaptarse especialmente a los 35 humanos. Especialmente, es posible sustituir toda o parte de la región constante de estas inmunoglobulinas mediante toda o parte de una región constante de un anticuerpo humano. Por ejemplo, los dominios C_H2 y/o C_H3 de la inmunoglobulina podrían sustituirse por los dominios C_H2 y/o C_H3 de la inmunoglobulina IgG γ 3 humana.

En tales anticuerpos adaptados a los humanos, también es posible sustituir una parte de la secuencia variable, particularmente uno o más de los residuos de estructura que no intervienen en el sitio de unión, por residuos humanos 40 de estructura, o por una parte de un anticuerpo humano.

A la inversa, las características (especialmente los fragmentos peptídicos) de las regiones V_{HH} de la inmunoglobulina de cadena pesada podrían introducirse en las regiones V_H o V_L derivadas de las inmunoglobulinas de cuatro 45 cadenas con, por ejemplo, la finalidad de lograr una mayor solubilidad de las inmunoglobulinas.

La invención se refiere además a un fragmento de una inmunoglobulina que se ha descrito anteriormente en este documento y especialmente a un fragmento seleccionado del grupo siguiente:

- un fragmento que corresponde a una cadena polipeptídica pesada de una inmunoglobulina desprovista de cadenas 50 ligeras,

- los fragmentos obtenidos por la digestión enzimática de las inmunoglobulinas de la invención, especialmente aquellos obtenidos por la digestión parcial con papaína que conduce al fragmento Fc (fragmento constante) y que 55 conduce al fragmento F $V_{HH}h$ (que contiene los sitios de unión al antígeno de las cadenas pesadas) o su dímero F ($V_{HH}H$)₂, o un fragmento obtenido mediante la digestión adicional con papaína del fragmento Fc, que conduce al fragmento pFc correspondiente a la parte C-terminal del fragmento Fc,

- los fragmentos homólogos obtenidos con otras enzimas proteolíticas,

- un fragmento de al menos 10, y preferiblemente 20, aminoácidos de la región variable de la inmunoglobulina, o la 60 región variable completa, especialmente un fragmento correspondiente a los dominios V_{HH} aislados o a los dímeros V_{HH} unidos al disulfuro de la bisagra,

- un fragmento que corresponde a la región bisagra de la inmunoglobulina, o a al menos 6 aminoácidos de esta 65 región bisagra,

- un fragmento de la región bisagra que comprende una secuencia repetida de Pro-X,

ES 2 325 541 T3

- un fragmento que corresponde a al menos 10, y preferiblemente 20, aminoácidos de la región constante o a la región constante completa de la inmunoglobulina.

5 La invención también se refiere a un fragmento que comprende una secuencia repetida, Pro-X, secuencia repetida que contiene al menos 3 repeticiones de Pro-X, siendo X cualquier aminoácido y preferiblemente Gln (glutamina), Lys (lisina) o Glu (ácido glutámico); un fragmento particular repetido está compuesto por una repetición de 12 veces la secuencia Pro-X.

10 Tal fragmento puede usarse ventajosamente como un vínculo entre los diferentes tipos de moléculas.

Los aminoácidos de la secuencia Pro-X se escogen entre cualquier aminoácido natural o no natural.

15 Los fragmentos pueden obtenerse por degradación enzimática de las inmunoglobulinas. También pueden obtenerse por la expresión en células u organismos de la secuencia de nucleótidos que codifica para las inmunoglobulinas, o pueden sintetizarse químicamente.

20 La invención también se refiere a anticuerpos antiidiotipo que pertenecen a las clases de inmunoglobulina de cadena pesada. Tales anti-idiotipos pueden producirse frente a idiotipos humanos o animales. Una particularidad de estos antiidiotipos es que pueden usarse como vacunas idiotípicas, en particular para la vacunación frente a glicoproteínas o glicolípidos y donde el carbohidrato determina el epítopo.

25 La invención también se refiere a anti-idiotipos capaces de reconocer idiotipos de inmunoglobulinas de cadena pesada.

25 Tales anticuerpos anti-idiotipo pueden ser anticuerpos singeneicos o alogénicos o xenogeneicos.

La invención también concierne a secuencias de nucleótidos que codifican para toda o parte de una proteína cuya secuencia de aminoácidos comprende una secuencia peptídica seleccionada de las siguientes:

30

G G S V Q T G G S L R L S C E I S G L T F D
G G S V Q T G G S L R L S C A V S G F S F S
G G S E Q G G G S L R L S C A I S G Y T Y G
G G S V Q P G G S L T L S C T V S G A T Y S
G G S V Q A G G S L R L S C T G S G F P Y S
G G S V Q A G G S L R L S C V A G F G T S
G G S V Q A G G S L R L S C V S F S P S S

45

50

55

60

65

ES 2 325 541 T3

W G Q G T Q V T V S S
 W G Q G T L V T V S S
 5 W G Q G A Q V T V S S
 W G Q G T Q V T A S S
 R G Q G T Q V T V S L
 10
 A L Q P G G Y C G Y G X - - - - - - - - - C L
 V S L M D R I S Q H - - - - - - - - - G C
 15 V P A H L G P G A I L D L K K Y - - - - - K Y
 F C Y S T A G D G G S G E - - - - - M Y
 E L S G G S C E L P L L F - - - - - D Y
 20 D W K Y W T C G A Q T G G Y F - - - - - G Q
 R L T E M G A C D A R W A T L A T R T F A Y N Y
 Q K K D R T R W A E P R E W - - - - - N N
 25 G S R F S S P V G S T S R L E S - S D Y - - N Y
 A D P S I Y Y S I L X I E Y - - - - - K Y
 D S P C Y M P T M P A P P I R D S F G W - - D D
 30 T S S F Y W Y C T T A P Y - - - - - N V
 T E I E W Y G C N L R T T F - - - - - T R
 N Q L A G G W Y L D P N Y W L S V G A Y - - A I
 R L T E M G A C D A R W A T L A T R T F A Y N Y
 35 D G W T R K E G G I G I P W S V Q C E D G Y N Y
 D S Y P C H L L - - - - - - - - - D V
 V E Y P I A D M C S - - - - - - - - - R Y
 40
 45 APELLGGPSVVFPPKPKDVLSISGRPK
 APELPGGPSVVFPTKPKDVLSISGRPK
 APELPGGPSVVFPPKPKDVLSISGRPK
 APELLGGPSVIFPPKPKDVLSISGRPK
 50 GQTREPQVYTLAPXRDEL
 GQPREPQVYTLPPSRDEL
 55 GQPREPQVYTLPPSREEM
 60 GQPREPQVYTLPPSQEEM
 VTVSSGTNEVCKCPKCPAPELPGGSPVFVFP

○

```

VTVSSEPKIPQPQPKPQPQPKPQPKPEPECTCPKCPAPELLGGPSVFIFF
5      GTNEVCKCPKCP
       APELPGGPSVFVFP
10     EPKIPQPQPKPQPQPKPQPKPEPECTCPKCP
       APELLGGPSVFIFF
  
```

15 Tales secuencias de nucleótidos pueden deducirse de las secuencias de aminoácidos, teniendo en cuenta la degeneración del código genético. Pueden sintetizarse o aislarse a partir de las células que producen las inmunoglobulinas de la invención.

Un procedimiento para la obtención de tales secuencias de ADN se describe en los ejemplos.

20 La invención también contempla el ARN, especialmente las secuencias de ARNm que corresponden a esas secuencias de ADN y que también corresponden a las secuencias de ADNc.

25 Las secuencias de nucleótidos de la invención pueden usarse además para la preparación de cebadores apropiados para la detección en las células o la selección de las librerías de ADN o ADNc para aislar las secuencias de nucleótidos que codifican para las inmunoglobulinas de la invención.

30 Tales secuencias de nucleótidos pueden usarse para la preparación de vectores recombinantes y la expresión de estas secuencias contenidas en los vectores por células huéspedes, especialmente células procarióticas como las bacterias, o también células eucarióticas y, por ejemplo, células CHO, células de insectos, células de simios como las células Vero, o cualquier otra célula de mamífero. Especialmente, el hecho de que las inmunoglobulinas de la invención estén desprovistas de cadenas ligeras, permite secretarlas en las células eucarióticas, puesto que no hay necesidad de tener recursos para la etapa que consiste en la formación de la proteína BIP que se requiere en las inmunoglobulinas de cuatro cadenas.

35 Las inadecuaciones de los métodos conocidos para producir anticuerpos monoclonales o inmunoglobulinas mediante tecnología de ADN recombinante vienen de la necesidad, en la inmensa mayoría de los casos, de clonar simultáneamente los dominios V_H y V_L que corresponden a los sitios de unión específicos de las inmunoglobulinas de 4 cadenas. Los animales, y especialmente los camélidos, que producen inmunoglobulinas de cadena pesada de acuerdo con la invención, y posiblemente otras especies de vertebrados, son capaces de producir inmunoglobulinas de cadena pesada de las cuales, el sitio de unión se localiza exclusivamente en el domino V_{HH} . A diferencia de las pocas inmunoglobulinas de cadena pesada producidas en otras especies mediante separación de cadenas o mediante clonación directa, las inmunoglobulinas de cadena pesada de los camélidos han sufrido una amplia maduración *in vivo*. Además, su región V ha evolucionado naturalmente para funcionar en ausencia de la V_L . Por tanto, son ideales para producir anticuerpos monoclonales mediante tecnología de ADN recombinante. Como la obtención de los clones específicos de unión al antígeno no depende de un proceso estocástico que necesite un gran número de células recombinantes, esto permite también un examen mucho más amplio del repertorio.

40 Esto puede hacerse a nivel del repertorio de V_{HH} no reconfigurado, usando ADN derivado de un tejido o célula tipo escogidos arbitrariamente, o a nivel del repertorio de V_{HH} no reconfigurado, usando ADN obtenido a partir de los linfocitos B. Sin embargo, resulta más interesante transcribir el ARNm a partir de las células que producen anticuerpos y clonar el ADNc con o sin amplificación anterior en un vector adecuado. Esto dará como resultado la obtención de anticuerpos que ya han sufrido maduración de afinidad.

45 El examen de un gran repertorio debe demostrar que es particularmente útil en la búsqueda de anticuerpos con actividades catalíticas.

50 Por tanto, la invención proporciona librerías que pueden generarse en una forma que incluya parte de la secuencia bisagra. La identificación es simple ya que la bisagra está unida directamente al dominio V_{HH} .

55 Estas librerías pueden obtenerse mediante clonación del ADNc a partir de células linfoides con o sin amplificación anterior por PCR. Los cebadores de PCR se localizan en las secuencias promotora, líder o de estructura del V_{HH} para el cebador 5' y en la región no traducida bisagra, CH_2 , CH_3 y 3' o cola de poliA para el cebador 3'. Una selección del tamaño del material amplificado permite la construcción de una librería limitada a las inmunoglobulinas de cadena pesada.

60

ES 2 325 541 T3

En un ejemplo particular, el siguiente cebador 3' en el que se ha construido un sitio *KpnI* y que corresponde a los aminoácidos 313 a 319 (CGC CAT CAA GGT AAC AGT TGA) se utiliza conjuntamente con los cebadores _{V_{HH}} de ratón descritos por Sestry *et al* y que contienen un sitio *XhoI*

5 AG GTC CAG CTG CTC GAG TCT GG
AG CTC CAG CTG CTC GAG TCT GG
10 AG GTC CAG CTT CTC GAG TCT GG

Sitio XhoI

15 Estos cebadores producen una librería de inmunoglobulinas de cadena pesada de camélido que comprenden la región _{V_{HH}} (relacionada con el subgrupo III de ratón o de humano), la bisagra y una sección del CH₂.

En otro ejemplo, el ADNc se poliadenila en su extremo 5' y los cebadores de _{V_{HH}} específicos de ratón se sustituyen por un cebador de poliT con un sitio *XhoI* no construido, al nivel del nucleótido 12.

20 CTCGACT₁₂.

Se utiliza el mismo cebador 3' con un sitio *KpnI*.

25 Este método genera una librería que contiene todos los subgrupos de inmunoglobulinas.

Parte del interés en clonar una región que abarca la unión bisagra-CH₂, es que tanto en γ2 como en γ3, está presente un sitio Sac inmediatamente después de la bisagra. Este sitio permite injertar la secuencia que codifica para el VHH y la bisagra dentro de la región Fc de otras inmunoglobulinas, en particular la IgG₁ y la IgG₃ humanas que tienen la misma secuencia de aminoácidos en este sitio (Glu₂₄₆ Leu₂₄₇).

30 Como un ejemplo, la invención contempla una librería de ADNc compuesto por secuencias de nucleótidos que codifican para una inmunoglobulina de cadena pesada, tal como la obtenida realizando las etapas siguientes:

35 a) tratar una muestra que contiene células linfoideas, especialmente linfocitos periféricos, células del bazo, ganglios linfáticos u otro tejido linfoide procedente de un animal sano, especialmente seleccionado a partir de los Camélidos, con el fin de separar las células linfoideas,

40 b) separar el ARN poliadenilado de otros ácidos nucleicos y componentes de las células,

45 c) hacer reaccionar el ARN obtenido con una transcriptasa inversa, con el fin de obtener el ADNc correspondiente,

50 d) poner en contacto el ADNc de la etapa c) con los cebadores 5' correspondientes al dominio V_H del ratón de las inmunoglobulinas de cuatro cadenas, cebador que contiene un sitio de restricción determinado, por ejemplo un sitio *XhoI* y con los cebadores 3' que corresponden a la parte N-terminal de un dominio C_H2 que contiene un sitio *KpnI*,

55 e) amplificar el ADN,

60 f) clonar la secuencia amplificada en un vector, especialmente en un vector Bluescript,

65 g) recuperar los clones hibridando con una sonda correspondiente a la secuencia que codifica para un dominio constante a partir de una inmunoglobulina aislada de cadena pesada.

Esta clonación da origen a clones que contienen secuencias de ADN, incluyendo la secuencia que codifica para la bisagra. Por tanto, permite la caracterización de la subclase de inmunoglobulinas y el sitio *SacI* útil para injertar el *FV_{HH}h* en la región Fc.

La recuperación de las secuencias que codifican para las inmunoglobulinas de cadena pesada también puede lograrse mediante la selección de los clones que contienen secuencias de ADN que tienen un tamaño compatible con la falta de dominio C_H1.

60 Es posible, de acuerdo con otra realización de la invención, añadir las siguientes etapas entre las etapas c) y d) del procedimiento anterior:

65 - en presencia de una ADN polimerasa y de trifosfatos de desoxirribonucleótidos, poner en contacto dicho ADNc con cebadores degenerados de oligonucleótido, cuyas secuencias son capaces de codificar para la región bisagra y el dominio V_{HH} N-terminal de una inmunoglobulina, siendo capaces los cebadores de hibridar con el ADNc y capaces de iniciar la extensión de una secuencia de ADN complementaria al ADNc usado como molde,

- recuperar el ADN amplificado.

Los clones pueden expresarse en varios tipos de vectores de expresión. Como un ejemplo que usa un vector Immuno PBS disponible comercialmente (Huse *et al.*: Science (1989) 246, 1275), los clones producidos en Bluescript® de acuerdo con el procedimiento descrito anteriormente, se recuperan por PCR usando el mismo *Xba*I que contiene el cebador 5' y un nuevo cebador 3', que corresponde a los residuos 113-103 en la estructura de las inmunoglobulinas, 5 en que se ha construido un sitio *Spe*: TC TTA ACT AGT GAG GAG ACG GTG ACC TG. Este procedimiento permite la clonación del V_{HH} en el sitio *Xba*/Spe del vector Immuno PBS. Sin embargo, el extremo 3' del gen no está en fase con el "marcador" de identificación y el codón de terminación del vector. Para lograr esto, el constructo se corta con *Spe* y los salientes de 4 bases se completan, usando el fragmento Klenow, tras lo cual se vuelve a ligar el vector. Un perfeccionamiento adicional consiste en sustituir el marcador con una poli-histidina, de manera que pueda llevarse a cabo la purificación metálica del VHH clonado. Para lograr eso, se construye primero un oligonucleótido de doble hebra *Spe/Eco*RI que codifica para 6 histidinas y para un codón de terminación, mediante la síntesis de ambas hebras seguida por calentamiento y templado:

15 CTA GTG CAC CAC CAT CAC CAC TAA* TAG*
 AC GTG GTG GTA GTG GTA GTG ATT ATC TTA A

20 El vector que contiene el inserto se digiere entonces con *Spe*I y *Eco*RI para eliminar la secuencia marcadora residente que puede sustituirse por la secuencia poli-His/terminación. El V_{HH} producido puede detectarse igualmente usando anticuerpos surgidos contra las regiones V_{HH} del dromedario. Bajo condiciones de laboratorio, las regiones V_{HH} se producen en el vector Immuno PBS en cantidades de mg por litro.

25 La invención también se refiere a una librería de ADN compuesta de secuencias de nucleótidos que codifican para una inmunoglobulina de cadena pesada, tal como la obtenida a partir de las células con genes reconfigurados de inmunoglobulina.

30 En una realización preferida de la invención, la librería se prepara a partir de células de un animal previamente inmunizado contra un antígeno determinado. Esto permite la selección de anticuerpos que tengan una especificidad preseleccionada para el antígeno usado para la inmunización.

En otra realización de la invención, la amplificación del ADNc no se realiza antes de clonar el ADNc.

35 La cadena pesada de las inmunoglobulinas de cuatro cadenas permanece secuestrada en la célula por una proteína chaperonina (BIP) hasta que se ha combinado con una cadena ligera. El sitio de unión para la proteína chaperonina es el dominio C_H1. Puesto que este dominio está ausente de las inmunoglobulinas de cadena pesada, su secreción es independiente de la presencia de la proteína BIP o de la cadena ligera. Además, los inventores han demostrados que las inmunoglobulinas obtenidas no son adhesivas y de acuerdo con eso, no se agregarán anormalmente.

40 La invención también se refiere a un proceso para la preparación de un anticuerpo monoclonal dirigido contra un antígeno determinado, consistiendo el sitio de unión al antígeno del anticuerpo en cadenas polipeptídicas pesadas y anticuerpo que está además desprovisto de cadenas polipeptídicas ligeras, proceso que comprende:

45 - la inmortalización de los linfocitos, obtenidos por ejemplo de la sangre periférica de los Camélidos previamente inmunizados con un antígeno determinado, con una célula inmortal y preferiblemente con células de mieloma, con el fin de formar un hibridoma,

- el cultivo de las células inmortalizadas (hibridoma) formadas y la recuperación de las células que producen los anticuerpos que tienen la especificidad deseada.

50 La preparación de los anticuerpos también puede llevarse a cabo sin una inmunización previa de los Camélidos. Según otro proceso para la preparación de anticuerpos, no se requiere el recurso de la técnica de la célula hibridoma.

55 Segundo tal proceso, los anticuerpos se preparan *in vitro* y pueden obtenerse mediante procesos que comprenden las etapas de:

60 - clonar en vectores, especialmente en fagos y más particularmente en bacteriófagos filamentosos, las secuencias de ADN o de ADNc obtenidas a partir de los linfocitos, especialmente los PEL de los Camélidos previamente inmunizados con determinados antígenos,

- transformar las células procarióticas con los vectores anteriores en condiciones que permitan la producción de anticuerpos,

65 - seleccionar los anticuerpos por su estructura de cadena pesada y adicionalmente sometiéndolos a la selección por afinidad al antígeno,

- recuperar los anticuerpos que tienen la especificidad deseada.

ES 2 325 541 T3

En otra realización de la invención, la clonación se realiza en vectores, especialmente en plásmidos que codifican para proteínas de membranas bacterianas. Las células procarióticas se transforman entonces con los vectores anteriores en condiciones que permiten la expresión de anticuerpos en su membrana.

5 Las células positivas se seleccionan adicionalmente mediante selección de afinidad al antígeno.

Los anticuerpos de cadena pesada que no contienen el dominio C_H1 presentan una clara ventaja a este respecto. En efecto, el dominio C_H1 se une a las proteínas acompañantes de tipo BIP presentes dentro de los vectores eucarióticos y las cadenas pesadas no se transportan fuera del retículo endoplasmático a menos que las cadenas ligeras estén 10 presentes. Esto significa que en las células eucarióticas, la clonación eficaz de las inmunoglobulinas de 4 cadenas en células no mamíferas, tales como células de levaduras, puede depender de las propiedades de la acompañante residente de tipo BIP y por tanto, puede ser muy difícil de lograr. A este respecto, los anticuerpos de cadena pesada de la invención que carecen de dominio CH₁ presentan una ventaja distintiva.

15 En una realización preferida de la invención, la clonación puede realizarse en levaduras, o bien para la producción de anticuerpos, o para la modificación del metabolismo de la levadura. Como ejemplo, puede utilizarse el vector *Yep* 52. Este vector tiene el origen de replicación (ORI) 2 μ de la levadura junto con un marcador de selección *Leu* 2.

20 El gen clonado está bajo el control del promotor de la bilis y por consiguiente es inducible por galactosa. Además la expresión puede estar reprimida por la glucosa, lo que permite la obtención de concentración muy elevada de células antes de la inducción.

25 La clonación entre los sitios *Bam*Hi y *Sal*I usando la misma estrategia de producción de genes mediante PCR que la descrita anteriormente, permite la clonación de los genes de la inmunoglobulina de camélido en *E. coli*. Como ejemplo de modulación metabólica que puede obtenerse mediante anticuerpos y propuesta para la levadura, se puede situar la clonación de anticuerpos dirigida contra las ciclinas, que son proteínas implicadas en la regulación del ciclo celular de la levadura (TIBS 16 430 J.D. Me Kinney, N. Heintz 1991). Otro ejemplo es la introducción mediante ingeniería genética de un anticuerpo dirigido contra el CD₂₈, anticuerpo que sería inducible (por ejemplo, mediante bilis), dentro del genoma de la levadura. El CD₂₈ está implicado en el nivel de la iniciación de la división celular y, por tanto, la expresión de anticuerpos contra esta molécula permitiría un control eficaz de la multiplicación de las células y la optimización de los métodos para la producción en biorreactores o mediante medios de células inmovilizadas.

30 Todavía en otra realización de la invención, el vector de clonación es un plásmido o un vector eucariótico de virus y las células que han de transformarse son células eucarióticas, especialmente células de levaduras, células de mamíferos, por ejemplo las células CHO, o células de simios tales como las células Vero, células de insectos, células de plantas o células de protozoos.

35 Para más detalles con respecto al procedimiento que ha de aplicarse en cada caso, se hace referencia a la publicación de Marks *et al*, J. Mol. Biol. 1991, 222:581-597.

40 Además, a partir de las inmunoglobulinas, o a partir de fragmentos de las mismas, pueden prepararse nuevas inmunoglobulinas o derivados.

45 De acuerdo con esto, pueden prepararse inmunoglobulinas que respondan a las definiciones facilitadas anteriormente, contra determinados antígenos. En especial, la invención proporciona anticuerpos monoclonales o policlonales desprovistos de cadenas polipeptídicas ligera o antisueru que contiene tales anticuerpos y dirigidos contra determinados antígenos y, por ejemplo, contra los antígenos de agentes patológicos, tales como las bacterias, los virus o los parásitos. Como ejemplo de antígenos o de determinantes antigenéticos contra los que pueden prepararse anticuerpos, pueden citarse las glicoproteínas de la cubierta de los virus o los péptidos de las mismas, tal como la glicoproteína de la cubierta externa de un virus VIH o el antígeno de superficie del virus de la hepatitis B.

50 Las inmunoglobulinas también pueden dirigirse contra una proteína, hapteno, carbohidrato o ácido nucleico.

55 Anticuerpos particulares de acuerdo con la invención se dirigen contra el epitopo galactosil α -1-3-galactosa.

Las inmunoglobulinas permiten además la preparación de productos combinados, tal como la combinación de la inmunoglobulina de cadena pesada o de un fragmento de la misma, con una toxina, una enzima, un fármaco o una hormona.

60 Como ejemplo, puede prepararse la combinación de una inmunoglobulina de cadena pesada que lleve un sitio de unión al antígeno que reconozca un epítopo de inmunoglobulina de mieloma con la toxina abrina o la de lectina del muérdago. Tal constructo tendría sus usos en la terapia específica del paciente.

65 Otra combinación ventajosa es la que puede prepararse entre inmunoglobulinas de cadena pesada que reconocen un antígeno intestinal de los insectos con una toxina específica para los insectos, tal como las toxinas de los distintos serotipos del *Bacillus thuringiensis* o del *Bacillus sphaericus*. Tal constructo clonado en las plantas puede usarse para incrementar la especificidad o la variedad de huéspedes de las toxinas bacterianas existentes.

ES 2 325 541 T3

La invención también propone anticuerpos que tienen diferentes especificidades en cada cadena polipeptídica pesada. Estos anticuerpos multifuncionales, especialmente bifuncionales, podrían prepararse por combinación de dos cadenas pesadas de las inmunoglobulinas de la invención o una cadena pesada de una inmunoglobulina de la invención con un fragmento de una inmunoglobulina modelo de cuatro cadenas.

5 La invención también proporciona anticuerpos heteroespecíficos que pueden usarse para la selección de la diana de fármacos o de cualquier sustancia biológica, como las hormonas. En particular, pueden usarse para seleccionar selectivamente la diana de hormonas o citoquinas para una categoría limitada de células. Los ejemplos son una combinación de un anticuerpo murino o humano surgido contra la interleuquina 2 (IL₂) y un anticuerpo de cadena pesada surgido contra las células CD₄. Esto podría usarse para reactivar las células CD₄ que han perdido su receptor de la IL₂.

10 Las inmunoglobulinas de cadena pesada también pueden usarse para la preparación de anticuerpos heteroespecíficos. Estos pueden lograrse, o bien de acuerdo con el método descrito anteriormente mediante la reducción de los puentes entre las diferentes cadenas y la reoxidación, de acuerdo con las técnicas usuales, de dos anticuerpos que 15 tienen especificidades diferentes, pero también puede lograrse por clonación seriada de dos anticuerpos, por ejemplo, en el vector Immuno pBS.

15 En tal caso, se prepara un primer gen correspondiente al dominio V_{HH} comprendido entre el sitio Xho y el sitio Spe, tal como se ha descrito anteriormente. Un segundo gen se prepara después mediante una forma análoga, usando 20 como extremidad 5' un cebador que tienen el sitio Spe y como extremidad 3' un cebador que contiene un codón de terminación y un sitio EcoRI. El vector se digiere entonces con EcoRI y XhoI y además, ambos genes Vim se digieren respectivamente por Xho/Spe y Spe/EcoRI.

25 Tras la unión, ambos genes de la inmunoglobulina se cloran seriadamente. La separación entre ambos genes puede aumentarse por la introducción de codones de adición dentro del cebador 5' SpeI.

30 En un ejemplo particular, la región bisagra de las inmunoglobulinas IgG2 de acuerdo con la invención es semirrigida y por tanto, es apropiada para acoplarse a las proteínas. En tal aplicación, las proteínas o los péptidos pueden unirse a diversas sustancias, especialmente a ligandos, a través de la región bisagra usada como espaciadora. Ventajosamente, el fragmento comprende al menos 6 aminoácidos.

35 Es interesante usar una secuencia que comprenda una secuencia repetida Pro-X, siendo X cualquier aminoácido y preferiblemente, Gln, Lys o Glu, especialmente un fragmento compuesto por al menos una repetición de 3 veces y preferiblemente, por una repetición de 12 veces, para acoplar las proteínas al ligando o para ensamblar diferentes dominios de proteínas.

La región bisagra o un fragmento del mismo también puede usarse para acoplar proteínas a ligandos o para ensamblar diferentes dominios de proteínas.

40 Las técnicas usuales para el acoplamiento son apropiadas y puede hacerse referencia especial a la técnica de ingeniería de proteínas mediante el ensamblaje de secuencias donadas.

45 Los anticuerpos de acuerdo con esta invención podrían usarse como reactivos para el diagnóstico *in vitro* o mediante técnicas de imagen. Las inmunoglobulinas de la invención podrían marcarse con radioisótopos, marcadores químicos o enzimáticos o marcadores quimioluminiscentes.

50 Como ejemplo, y especialmente en el caso de la detección o la observación de inmunoglobulinas mediante técnicas de imagen, un marcador como el tecnecio, especialmente el tecnecio al 99%, es ventajoso. Este marcador puede usarse para el marcaje directo mediante un procedimiento de acoplamiento con las inmunoglobulinas o con fragmentos e indirecto tras una etapa de preparación de un complejo con el tecnecio.

Otros marcadores radiactivos interesantes son, por ejemplo, el indio y especialmente el indio III, o el yodo, especialmente el I¹²¹, I¹²⁵ e I¹²³.

55 Para la descripción de estas técnicas, se hace referencia a la solicitud de patente FR publicada con el número 2649488.

En estas aplicaciones, el pequeño tamaño del fragmento V_{HH} es una ventaja definitiva para la penetración dentro del tejido.

60 La invención también se refiere a los anticuerpos monoclonales que reaccionan con los antiidiotipos de los anticuerpos descritos anteriormente.

65 La invención también se refiere a las células o a los organismos en los que se han clonado las inmunoglobulinas de cadena pesada. Tales células u organismos pueden usarse para el propósito de producir inmunoglobulinas de cadena pesada que tengan una especificidad deseada preseleccionada, o que correspondan a un repertorio particular. También pueden producirse para el propósito de modificación del metabolismo de la célula que las expresa. En el caso de la modificación del metabolismo de las células transformadas con las secuencias que codifican para las inmunoglobulinas

ES 2 325 541 T3

de cadena pesada, estas inmunoglobulinas producidas de cadena pesada se usan como ADN antisentido. El ADN antisentido está implicado normalmente en el bloqueo de la expresión de ciertos genes, tal como por ejemplo, en el antígeno de superficie variable de los tripanosomas o de otros patógenos. Asimismo, la producción de la actividad de ciertas proteínas o enzimas podría inhibirse mediante los anticuerpos que se expresan contra esta proteína o enzima dentro de la misma célula.

La invención también se refiere a una inmunoglobulina modificada de 4 cadenas o a fragmentos de las mismas, cuyas regiones V_H se han sustituido parcialmente por secuencias específicas o aminoácidos de inmunoglobulinas de cadena pesada, especialmente por secuencias del dominio V_{HH} . Un dominio V_H particular y modificado de una inmunoglobulina de cuatro cadenas, se caracteriza porque la leucina, la prolina o la glutamina de la posición 45 de las regiones V_H se ha sustituido por otros aminoácidos y preferiblemente por arginina, ácido glutámico o cisteína.

Un dominio V_H o V_L adicional modificado de una inmunoglobulina de cuatro cadenas se caracteriza por la unión de los bucles CDR o de las regiones FK mediante la introducción de cisteínas apareadas, seleccionándose la región CDR entre la CDR₁ y la CDR₃, siendo la región FW la región FW₂ y, especialmente, porque una de las cisteínas introducidas está en la posición 31, 33 de la FR₂ o en la 45 de la CDR₂ y la otra en la CDR₃.

Especialmente, la introducción de cisteínas apareadas es de manera que el bucle del CDR₃ esté unido al dominio FW₂ o al CDR1 y más especialmente, la cisteína del CDR3 del V_H está unida a una cisteína en la posición 31 ó 33 del FW₂ o en la posición 45 del CDR2.

En otro ejemplo, células de plantas pueden modificarse mediante las inmunoglobulinas de cadena pesada, con el fin de adquieran nuevas propiedades o propiedades incrementadas.

Las inmunoglobulinas de cadena pesada pueden usarse para la terapia genética del cáncer, por ejemplo mediante la utilización de anticuerpos dirigidos contra las proteínas presentes en las células tumorales.

En tal caso, la expresión de uno o dos genes V_{HH} puede obtenerse mediante la utilización de vectores derivados de parvovirus o adenovirus. Los parvovirus se caracterizan por el hecho de que están desprovistos de patogenicidad o casi no son patogénicos para las células humanas normales y por el hecho de que son capaces de multiplicarse fácilmente en las células cancerígenas (Russel S.J. 1990, Immunol. Today II. 196-200).

Las inmunoglobulinas de cadena pesada se clonian, por ejemplo, dentro de los sitios *HindIII/XbaI* del plásmido infeccioso del virus MVM murino (pMM984). (Merchlinsky *et al.*, 1983, J. Virol. 47, 227-232) y luego se sitúan bajo el control del promotor MVM38.

El gen del dominio VHH se amplifica por PCR mediante el uso de un cebador 5' que contiene un codón de iniciación y un sitio *HindIII*, el cebador 3' que contiene un codón de terminación y un sitio *XbaI*.

El constructo se inserta entonces entre las posiciones 2650 (*HindIII*) y 4067 (*XbaI*) dentro del plásmido.

La eficacia de la clonación puede comprobarse mediante transfección. El vector que contiene el anticuerpo se introduce entonces en las células permisivas (NB-E) mediante transfección.

Las células se recuperan tras dos días y la presencia de regiones VHH se determina con un ensayo ELISA usando antisuero de conejo que reacciona con la parte V_{HH} .

La invención permite además la preparación de anticuerpos catalíticos mediante formas diferentes. La producción de anticuerpos dirigidos contra los componentes que imitan los estados activados de los sustratos (como ejemplo, el vanadato como componente que imita el estado activado del fosfato con el fin de producir sus actividades fosfoesterasas, el fosfato como compuesto que imita la unión peptídica para producir proteasas) permite obtener anticuerpos que tienen una función catalítica. Otra forma de obtener tales anticuerpos consiste en realizar una mutagénesis aleatoria en los clones de anticuerpos, por ejemplo mediante PCR, introduciendo bases anormales durante la amplificación de los clones. Estos fragmentos amplificados obtenidos por PCR se introducen entonces dentro de un vector apropiado para clonación. Su expresión en la superficie de la bacteria permite la detección por el sustrato de los clones que tienen la actividad enzimática. Naturalmente, estos dos enfoques pueden combinarse. Finalmente, partiendo de la base de los datos disponibles sobre la estructura, por ejemplo los datos obtenidos por cristalografía de rayos X o RMN, las modificaciones pueden dirigirse. Estas modificaciones pueden realizarse mediante técnicas usuales de ingeniería genética o mediante síntesis completa. Una ventaja del VHH de las inmunoglobulinas de cadena pesada de la invención es el hecho de que son suficientemente solubles.

Las inmunoglobulinas de cadena pesada de la invención pueden producirse además en células de plantas, especialmente en plantas transgénicas. Como ejemplo, las inmunoglobulinas de cadena pesada pueden producirse en plantas usando el plásmido pMon530 (Roger *et al.* Meth Enzym 153 1566 1987), vector de expresión constitutivo de plantas, tal como se ha descrito para los anticuerpos clásicos de cuatro cadenas (Hiat *et al.* Nature 342 76-78, 1989) usando una vez más los cebadores apropiados de PCR, tal como se ha descrito anteriormente, para generar un fragmento de ADN en la fase correcta.

ES 2 325 541 T3

Otras ventajas y características de la invención se harán evidentes en los ejemplos y figuras siguientes.

Figuras

5 Figura 1

Caracterización y purificación de la IgG del camello mediante cromatografía de afinidad en Sepharosa Proteína A y Proteína G (Pharmacia)

10 (A) muestra, tras la reducción, el perfil de proteínas de SDS-PAGE de las fracciones adsorbidas y no adsorbidas del suero de *Camelus dromedarius*. La fracción adsorbida en la Proteína A y eluída con NaCl 0,15 M, ácido acético al 0,58%, muestra bajo reducción (carril c) tres componentes de cadena pesada de 50, 46 y 43 kd, respectivamente, y la cadena ligera (IgG del conejo en el carril a). Las fracciones adsorbidas en un derivado de Sepharosa Proteína G (Pharmacia), que se ha diseñado para suprimir la región de unión a la albúmina (carril e) y eluído con gly HCl 0,1 M, pH 2,7, carecen de la cadena pesada de 46 kd que se recupera en la fracción no adsorbida (carril f). Ninguno de estos componentes está presente en la fracción no adsorbida en la Proteína A (carril d). El carril b contiene los marcadores de peso molecular.

20 (B) y (C). Mediante elución diferencial, las fracciones de inmunoglobulinas que contienen la cadena pesada de 50 y 43 kd, pueden separarse. Se adsorben 5 ml del suero de *C. dromedarius* en una columna de Sepharosa Proteína G de 5 ml y la columna se lava exhaustivamente con tampón fosfato 20 mM, pH 7,0. Bajo elución con tampón a pH 3,5 (NaCl 0,15 M, ácido acético al 0,58%), se eluye un componente de 100 kd que da, bajo reducción, una cadena pesada de 43 kd, (carril 1). Una vez que la absorbancia del eluente de la columna ha caído hasta el nivel previo, puede eluirse un segundo componente de la inmunoglobulina de 170 kd con tampón a pH 2,7 (glicina HCl al 0,1 M). Esta fracción, 25 bajo reducción, da una cadena pesada de 50 kd y una amplia banda de cadena ligera (carril 2).

La fracción no adsorbida sobre la Proteína G se lleva entonces sobre una columna de Sepharosa Proteína A de 5 ml. Tras lavar y eluir con tampón a pH 3,5 (NaCl 0,15 M, ácido acético al 0,58%), se obtiene una tercera inmunoglobulina de 100 kd que consta únicamente de las cadenas pesadas de 46 kd (carril 3).

30

Figura 2

Inmunoglobulinas de Camelus bactrianus, Lama vicugna, Lama glama y Lama pacos a la Proteína A (carriles A) y a la Proteína G (carriles G) analizadas sobre SDS-PAGE antes (A) y después (B) de la reducción

35 Se añadieron 10 µl de suero obtenido a partir de diferentes especies a tubos Eppendorf® que contenían 10 mg de Sepharosa Proteína A o Proteína G suspendidos en 400 µl de tampón de inmunoprecipitación a pH 8,3 (NaCl 0,2 M, Tris 0,01 M; EDTA 0,01 M, Triton X100 al 1%, ovoalbúmina al 0,1%). Los tubos se hicieron girar lentamente durante 40 2 horas a 4°C. Tras la centrifugación, se lavaron los aglomerados 3 veces en el tampón y una vez en el tampón en el que se han suprimido el Triton y la ovoalbúmina. Los aglomerados se resuspendieron entonces en la disolución de la muestra de SDS-PAGE, 70 µl por aglomerado, con o sin ditiotreitol como reductor. Tras hervir durante 3 minutos a 100°C, los tubos se centrifugaron y se analizaron los sobrenadantes.

45 En todas las especies examinadas las fracciones no reducidas (A) contienen además de las moléculas de aproximadamente 170 Kd también componentes principales menores de aproximadamente 100 Kd. En la muestra reducida (B) las cadenas ligera y pesada constituyentes son detectadas. En todas las especies un componente de cadena pesada (marcado con un asterisco *) está presente en el material eluido de la Proteína A pero ausente en el material eluido de la Proteína G.

50

Figura 3

Las IgG₁, IgG₂ e IgG₃ fueron preparadas a partir de suero obtenido de Camelus dromedarius saludables o infectados con Trypanosoma evansi (título CATT 1/160 (3) y analizados por radioinmunoprecipitación o Western Blotting para la actividad anti-tripanosoma

55 (A) lisado de antígenos de *Trypanosoma evansi* marcado con ³⁵S metionina (recuento de 500.000) fue añadido a tubos Eppendorf conteniendo 10 µl de suero o, 20 µl de IgG₁, IgG₂ o IgG₃ en 200 µl de tampón de inmunoprecipitación a pH 8,3 contenido 0,1 M TLCK como inhibidor de proteinasa y se hicieron girar lentamente a 4°C durante una hora. Los tubos fueron luego suplementados con 10 mg de Sepharosa Proteína A suspendida en 200 µl del mismo tampón a pH 8,3 e incubados a 4°C durante una hora adicional.

60 Despues del lavado y la centrifugación a 15000 rpm durante 12 s, cada aglomerado fue resuspendido en 75 µl de la solución muestra SDS-PAGE conteniendo DTT y se calentó durante 3 min. a 100°C. Despues de la centrifugación en una minifuga Eppendorf a 15000 rpm durante 30 s, 5 µl del sobrenadante fueron salvados para la determinación de la radioactividad y el resto fue analizado por DSD-PAGE y fluorografía. Los recuentos/5 µl de muestra fueron inscritos para cada carril.

ES 2 325 541 T3

(B) 20 μ l de IgG₁, IgG₂ e IgG₃ de animales saludables e infectados con tripanosoma fueron separados mediante SDS-PAGE sin reducción o calentamiento previos. Las muestras separadas fueron entonces electrotransferidas a una membrana de nitrocelulosa, una parte de la membrana fue teñida con Rojo de Ponceau para localizar el material proteico y el resto fue incubado con ovoalbúmina 1% en tampón TST (Tris 10 mM, NaCl 150 mM, Tween 0.05%) 5 para bloquear los sitios de unión a la proteína.

Tras el bloqueo, la membrana se lavó exhaustivamente con el tampón TST y se incubó durante 2 horas con el antígeno de tripanosoma marcado con ³⁵S. Tras el lavado exhaustivo, la membrana se secó y se analizó mediante autorradiografía. Para evitar la unión previa e inespecífica, el lisado marcado de tripanosoma se filtró a través de 10 un filtro millipore de 45 μ y se incubó con inmunoglobulina y ovoalbúmina de camello sano adsorbida sobre una membrana de nitrocelulosa.

Figura 4

15 La IgG3 purificada del camello por cromatografía de afinidad en Sepharosa Proteína A, se digiere parcialmente con papaína y se separa en Sepharosa Proteína A

20 Se disolvieron 14 mg de IgG3 purificada en tampón fosfato 0,1 M a pH 7,0 que contenía EDTA 2 mM. Se dieron mediante 1 hora de incubación a 37°C con mercuriopapaína (enzima al 1% en proporción de proteína) activada mediante cisteína 5.10⁴ M. La digestión se bloqueó por la adición de yodoacetamida en exceso (4.10² M) (13). Tras la centrifugación del digerido en una centrífuga Eppendorf durante 5 min a 15.000 rpm, los fragmentos de papaína se separaron en una columna de Sepharosa Proteína A en las fracciones de unión (B) y de no unión (NB). La fracción de unión se eluyó de la columna con tampón glicina HCl 0,1 M a pH 1,7.

25 Figura 5

30 Presentación esquemática de un modelo para las moléculas de IgG3 desprovistas de cadenas ligeras. inmunoglobulinas que tienen cadenas ligeras.

Figura 6

35 • Representación esquemática de inmunoglobulinas que tienen cadenas polipeptídicas pesadas y están desprovistas de cadenas ligeras, con respecto a la inmunoglobulina convencional del modelo de cuatro cadenas.

• Representación de una sección bisagra.

40 Figura 7

Alineación de 17 secuencias de ADN de V_{HH} de las inmunoglobulinas de cadena pesada de camello.

45 Figura 8

Expresión y purificación de la proteína V_{HH}21 del camello a partir de *E. coli*.

I Anticuerpos de cadena pesada en los camélidos

50 Cuando se adsorbe el suero de *Camelus dromedarius* en Sepharosa Proteína G, una cantidad apreciable (25-35%) de inmunoglobulinas (1g) permanece en disolución que puede entonces recuperarse mediante cromatografía de afinidad en Sepharosa Proteína A (fig. 1A). La fracción adsorbida en la Proteína G puede eluirse diferencialmente en una fracción de unión estrecha (25%) que consta de moléculas de un peso molecular (PM) aparente no reducido de 55 170 kd, y en una fracción de unión más débil (30-45%) que tiene un peso molecular aparente de 100 kd (fig. 15). El componente de 170 kd, cuando se reduce, da cadenas pesadas de 50 kd y cadenas ligeras grandes de 30 kd. La fracción de 100 kd está totalmente desprovista de cadenas ligeras y parece estar compuesta únicamente por cadenas pesadas que, tras la reducción, tienen un PM aparente de 43 kd (Fig. IC). La fracción que no se une a la Proteína G puede purificarse por afinidad y eluirse de una columna de Proteína A como un segundo componente de 100 kd que, tras la 60 reducción, parece estar compuesto únicamente por cadenas pesadas de 46 kd.

Las inmunoglobulinas de cadena pesada carecen de cadenas ligeras totales hasta el 75% de las moléculas que se unen a la proteína A.

65 Como las tres inmunoglobulinas se unen a la Proteína A, nos referiremos a ellas como IgG: particularmente, IgG₁ (cadena ligera y cadena pesada γ 1 (50 kd) que se unen a la Proteína G), IgG₂ (cadena pesada γ 2 (46 kd) que no se une a la proteína G) e IgG₃ (cadena pesada γ 3 (43 kd) que se une a la proteína G). Hay una posibilidad de que estas tres sub(clases) puedan subdividirse adicionalmente.

ES 2 325 541 T3

Un estudio comparativo de los camélidos del viejo mundo (*Camelus bactrianus* y *Camelus dromedarius*) y de los camélidos del nuevo mundo (*Lama pacos*, *Lama glama*, *Lama vicugna*) mostraron que las inmunoglobulinas de cadena pesada se encontraron en todas las especies examinadas, a pesar de con diferencias menores en el peso molecular aparente y en la proporción. Los camélidos del nuevo mundo difieren de los camélidos del viejo mundo en 5 que tienen una molécula más grande de IgG₃ (inmunoglobulina de cadena pesada que se une a la Proteína G) en que las cadenas pesadas constituyentes tienen un peso molecular aparente de 47 kd (fig. 2).

La abundancia de inmunoglobulinas de cadena pesada en el suero de los camélidos hace plantearse la pregunta de cuál es su papel en la respuesta inmune y en particular, si llevan especificidad de unión al antígeno y si es así, 10 cómo es de amplio su repertorio. Esta pregunta podría responderse examinando las inmunoglobulinas de los camellos infectados por *Tripanosoma evansi* (*Camelus dromedarius*).

Para este propósito, las fracciones correspondientes de IgG₁, IgG₂, IgG₃ se prepararon a partir del suero de un camello sano y a partir del suero de camellos con un título elevado de antitripanosoma, medido mediante el Ensayo de 15 Aglutinación (3). En radioinmunoprecipitación, se demostró que la IgG₁, la y la IgG₃ derivadas del camello infectado, que indican amplia heterogeneidad y complejidad de repertorio (Fig. 3A), se unen a un gran número de antígenos presentes en un lisado de tripanosoma marcado por ³⁵S metionina.

En los experimentos de inmunotransferencia, el lisado de tripanosoma marcado con ³⁵S metionina se une a IgG₁, 20 IgG₂, IgG₃ separadas por SDS-PAGE, obtenidas a partir de animales infectados (Fig. 3B).

Esto lleva a concluir que las cadenas pesadas del camélido IgG₂ e IgG₃ son auténticos anticuerpos que unen 25 antígenos.

Un paradigma inmunológico establece que un repertorio amplio de anticuerpos se genera por la combinación de los repertorios de la región variable V de la cadena ligera y la cadena pesada (6). Las inmunoglobulinas de cadena pesada del camello parecen contradecir este paradigma.

Las inmunoglobulinas se caracterizan por un patrón complejo de IEF (isoelectroenfoque) que refleja su heterogeneidad extrema. Para determinar si las dos cadenas pesadas que constituyen la IgG₂ y la IgG₃ son o no idénticas, se 30 observó el patrón de isoelectroenfoque (I.E.F) antes y después de la separación de la cadena mediante reducción y alquilación usando yodoacetamida como agente alquilante.

Como este agente alquilante no introduce cargas adicionales en la molécula, los monómeros resultantes de la 35 reducción y la alquilación de una cadena homodímera pesada tendrá prácticamente el mismo punto isoeléctrico que el dinero, mientras que si se derivan de un heterodímero de cadena pesada, en la mayoría de los casos los monómeros diferirán suficientemente en el punto isoeléctrico para generar un patrón diferente en I.E.F.

Bajo reducción y alquilación por yodoacetamida, el patrón observado no está modificado para la IgG₂ y la IgG₃ de 40 *Camelus dromedarius*, indicando que estas moléculas están compuestas de dos cadenas pesadas idénticas que migran a la misma posición que la molécula no reducida a partir de la que se han originado.

Por el contrario, el patrón de T.E.F. de la IgG₁ se modifica completamente tras la reducción, ya que el punto 45 isoeléctrico de cada molécula se determina por la combinación de los puntos isoeléctricos de las cadenas ligera y pesada, que tras la separación, migrarán a posiciones diferentes.

Estos hallazgos indican que las cadenas pesadas solas pueden generar un amplio repertorio y cuestionan la contribución de la cadena ligera al repertorio útil del anticuerpo. Si esta necesidad se anula, ¿qué otro papel desempeña la cadena ligera?

Normalmente, la cadena pesada aislada de las inmunoglobulinas de mamífero tienden a agregarse considerablemente, pero sólo se solubilizan mediante las cadenas ligeras (8, 9) que se unen al dominio C_H1 de la cadena pesada.

En humanos y ratones, varios mielomas espontáneos o inducidos producen una inmunoglobulina patológica compuesta únicamente por cadenas pesadas (enfermedad de la cadena pesada). Estas cadenas pesadas proteicas del mieloma llevan delecciones en los dominios C_H1 y V_{HH} (10). La razón por la que las cadenas pesadas de longitud completa no dan lugar a cadenas pesadas secretadas en tales inmunoglobulinas patológicas, parece provenir del hecho de que la síntesis de Ig implica una proteína chaperonina, la proteína de unión a la cadena pesada de la inmunoglobulina o BIP (11), que normalmente está sustituida por la cadena ligera (12). Es posible que el papel primordial de la cadena ligera 55 en las inmunoglobulinas del modelo de cuatro cadenas es el de un acompañante asignado a la cadena pesada y que la aparición de los repertorios de cadena ligera sólo ha sido una ventaja evolutiva.

Las cadenas γ2 y γ3 son considerablemente más cortas que la cadena γ normal de mamífero. Esto sugeriría que 60 se han producido delecciones en el dominio C_H1. Las diferencias en los tamaños de las inmunoglobulinas γ2 y γ3 de los camélidos del viejo y del nuevo mundo, sugieren que las delecciones se produjeron en varias etapas evolutivas, especialmente en el dominio C_H1.

ES 2 325 541 T3

II Las inmunoglobulinas de cadena pesada de los camélidos carecen del dominio $C_{H}1$

La estrategia seguida para investigar la estructura primaria de la inmunoglobulina de cadena pesada es una combinación de proteína y secuenciación de ADNc; la secuenciación de la proteína es necesaria para identificar las flexibilidades de secuencia características de cada inmunoglobulina. El extremo N-terminal de la inmunoglobulina que se deriva del repertorio de la región variable de la cadena pesada sólo da información sobre los subgrupos de V_{HH} (región variable de la cadena pesada) y no puede usarse para la identificación de clase o de subclase. Esto significa que los datos de la secuencia han de obtenerse a partir de los sitios internos de división enzimática o química.

Una combinación de digestión de papaína y cromatografía de afinidad a la Proteína A permitieron la separación de varios fragmentos que dan información sobre la estructura general de la IgG3.

La IgG3 del camello (*Camelus dromedarius*) purificada mediante cromatografía de afinidad en Sepharosa Proteína A se digirió parcialmente con papaína y el digesto se separó en Sepharosa Proteína A en fracciones de unión y de no unión. Estas fracciones se analizaron mediante SDS-PAGE bajo condiciones de reducción y no reducción (fig 4).

La fracción unida contenía dos componentes, uno de 28 kd y uno de 14,4 kd, además de material no dividido o parcialmente dividido. Se separaron bien mediante electroforesis en gel (a partir de geles preparativos de SDSPAGE al 19%) bajo condiciones no reductoras, y se purificaron adicionalmente por electroelución (en bicarbonato de amonio 50 nM, SDS al 0,1% (p/v) usando un electroeluidor). Tras la liofilización de estas fracciones electroeluidas, el SDS restante se eliminó mediante precipitación de la proteína a través de la adición de etanol al 90%, mezclando e incubando la mezcla durante la noche a -20°C (14). La proteína precipitada se recogió en un aglomerado mediante centrifugación (15.000 rpm, 5 min) y se usó para la secuenciación de la proteína. La secuenciación del extremo N-terminal se llevó a cabo usando la química automatizada de Edman de un secuenciador líquido de proteínas mediante impulsos de Applied Biosystem 477A. Los aminoácidos se identificaron como sus derivados de feniltiohidantoína (PTH) usando un analizador de PTH de Applied Biosystem 120. Todos los productos químicos y los reactivos se compraron de Applied Biosystems. Los análisis de los datos cromatográficos se llevaron a cabo usando el software de Applied Biosystems versión 1.61. En cada caso, el análisis de la secuencia dirigido por ordenador se confirmó por inspección directa de los cromatogramas a partir del analizador de PTH. Las muestras de la secuenciación de la proteína se disolvieron o bien en ácido trifluoroacético (TFA) al 50% (v/v) (fragmento de 28 kd) o en TFA al 100% (fragmento de 14 kd). Las muestras de la proteína disuelta equivalentes a 2000 pmol (fragmento de 28 kd) o a 500 pmol (fragmento de 14 kd) se aplicaron a discos de fibra de vidrio tratados con TFA. Los discos de fibra de vidrio se recubrieron con BrioBrene (3 mg) y se precilaron una vez antes de usarlos.

La secuenciación del extremo N-terminal del fragmento de 28 kd da una secuencia homóloga a la parte N-terminal del dominio $C_{H}2$ de γ y por tanto, al extremo N-terminal del fragmento Fe. La secuencia N-terminal del fragmento de 14,4 kd corresponde a la última lisina de un $C_{H}2$ de γ y al extremo N-terminal de un dominio $C_{H}3$ de γ (Tabla 1). El peso molecular (PM) de los fragmentos de papaína y la identificación de sus secuencias N-terminales llevaron a concluir que los dominios $C_{H}2$ y $C_{H}3$ de las cadenas pesadas $\gamma 3$ son normales en tamaño y que la delección debe producirse, o bien en el dominio $C_{H}1$, o en el V_{HH} para generar la cadena $\gamma 3$ más corta. Las fracciones que no se unen a la Sepharosa Proteína A contienen dos bandas de 34 y 17 kd que están más difusas en SDE-PAGE, indicando que se originan a partir de la parte variable N-terminal de la molécula (fig 4).

Bajo reducción, se encuentra una única banda difusa de 17 kd, indicando que la de 34 kd es un dimero unido por un puente disulfuro del componente de 17 kd. El fragmento de 34 kd contiene aparentemente la bisagra y el dominio V_{HH} del extremo N-terminal.

Los datos de la secuencia de proteínas también puede usarse para construir cebadores degenerados de oligonucleótidos que permiten la amplificación de PCR del ADNc o del ADN genómico.

Se ha demostrado que las células procedentes de las células marcadas del bazo del camello reaccionaban con sueros de anti-inmunoglobulina de conejo y camello y que por tanto, el bazo fue un sitio de síntesis de al menos una clase de inmunoglobulina. Por consiguiente, el ADNc se sintetizó a partir del ARNm del bazo del camello. Las condiciones para el aislamiento del ARN fueron las siguientes: el ARN total se aisló a partir del bazo del dromedario mediante el método del isotiocianato de guanidio (15). El ARNm se purificó con perlas paramagnéticas de oligo T.

La síntesis de ADNc se obtiene usando un molde de ARNm de 1 µg, un cebador de oligo dT y transcriptasa inversa (BOERHINGER MAN). La segunda hebra del ADNc se obtiene usando ARNasa H y ADN polimerasa de *E coli*, de acuerdo con la condición dada por el proveedor.

Las secuencias relevantes se amplificaron por PCR: 5 ng de ADNc se amplificaron por PCR en una mezcla de reacción de 100 µl (Tris-HCl 10 mM a pH 8,3, KCl 50 mM, MgCl₂ 15 mM, gelatina al 0,01% p/v), 200 µM de cada dNTP y 25 pmoles de cada cebador) cubierto con una capa de aceite mineral (Sigma).

Los cebadores degenerados contienen sitios *EcoRI* y *KpnI* y que además están clonados en pUC 18. Tras una ronda de desnaturización y templado (94°C durante 5 min y 54°C durante 5 min), se añadieron 2 unidades de Marcador ADN polimerasa a la mezcla de la reacción antes de someterlo a 35 ciclos de amplificación: 1 min a 94°C (desnaturar) 1 min a 54°C (templar), 2 min a 72°C (alargar). Para amplificar las secuencias de ADN entre los dominios V_{HH}

ES 2 325 541 T3

y C_H2, (# 72 clones), se llevó a cabo la PCR en las mismas condiciones, con la excepción de que la temperatura de templado se incrementó hasta 60°C.

Un clon examinado (#56/36) tenía una secuencia correspondiente a la parte N-terminal de un dominio C_H2 idéntico a la secuencia del fragmento de 28 kd. La disponibilidad de estos datos de secuencia permitieron la construcción de un cebador 3' exacto y la clonación de la región entre el extremo N-terminal del dominio V_{HH} y el C_H2.

Los cebadores 5' correspondientes al V_{HH} (16) del ratón y que contenían un sitio de restricción XhoI se usaron junto con el cebador 3' en el que se había insertado un sitio KpnI y las secuencias amplificadas se clonaron en pBluescript®. El clon #56/36 que presentaba dos sitios HaeIII internos, se digirió con esta enzima para producir una sonda para identificar los clones positivos de la PCR.

Tras la amplificación, los productos de la PCR se comprobaron en un gel de agarosa al 1,2% (p/v). El aclaramiento de los productos de la PCR incluyó una extracción de fenol-cloroformo, seguida por purificación adicional por HPLC (columna GEN-PAC FAX, Waters) y finalmente usando el kit MERMAID o GENECLEAN II, BIO 101, Inc) según fuese apropiado. Tras estas etapas de purificación, el ADNc amplificado se digirió entonces con EcoRI y KpnI para los clones de la serie #56 y con XhoI y KpnI para los clones de la serie #72. Una extracción final con fenol-cloroformo precedida por la ligación en pUC 18 (clones de la serie #56) o en pBluescript® (clones de la serie #72).

Todos los clones obtenidos fueron más pequeños de 860 pares de base de lo que se esperaba si poseían una región completa V_{HH} y C_H1. Los datos parciales de la secuencia correspondientes al N'-terminal de la región V_{HH} revelan que de entre 20 clones, 3 fueron idénticos y posiblemente no independientes. Las secuencias obtenidas se asemejan al subgrupo III humano y a los subgrupos murinos IIIa y IIIb (Tabla 2).

Se obtuvieron los clones correspondientes a dos juegos diferentes de secuencias proteicas C_H2. Un primer juego de secuencias (#72/41) tenía una región C_H2 N-terminal idéntica a la obtenida mediante secuenciación de proteínas de los fragmentos de papaína de 28 kd de la cadena pesada γ3, una corta región bisagra que contenía 3 cisteínas y una región variable correspondiente a los residuos de la estructura (FR4) codificada por los minigenes J que se adhieren a la bisagra. El dominio C_H1 falta por completo. Este ADNc corresponde a la cadena γ3 (Tabla 4).

En una secuencia estrechamente relacionada (#72/1), la prolina de la posición 259 está sustituida por treonina.

La secuencia correspondiente al C_H3 y a la parte restante del C_H2 se obtuvo por PCR del ADNc usando como cebador KpnI, un poliT en el que el sitio de restricción KpnI se había insertado en el extremo 5'. La secuencia total de la cadena γ3 corresponde con un peso molecular (PM) que está en concordancia con los datos obtenidos a partir de la electroforesis en SDS-PAGE.

La secuencia de esta cadena γ3 presenta similitudes con otras cadenas γ, excepto que carece del dominio C_H1, siendo el dominio V_{HH} adyacente a la bisagra.

Una o las tres cisteínas podrían ser probablemente responsables de mantener a las dos cadenas γ3 juntas.

Los resultados han permitido definir un modelo para la molécula IgG3 basado en la secuencia y en la rotura por papaína (fig. 5).

La papaína puede romper la molécula a cada lado de los disulfuros de la bisagra y también entre C_H2 y C_H3. Bajo condiciones no reductoras, los dominios V_{HH} de la IgG3 pueden aislarse como dímero unido por disulfuro o como monómero, dependiendo del sitio de rotura de la papaína.

Un segundo juego de clones #72/29 tenía una secuencia ligeramente diferente para el C_H2 y se caracterizaba por una bisagra muy larga precedida inmediatamente por el dominio variable. Esta región bisagra tiene 3 cisternas en su extremo C-terminal en una secuencia homóloga a la bisagra de γ3. Tal segundo juego de clones podría representar la subclase IgG2. Para la parte constante de la γ3 y también para la supuesta γ2, la mayoría de los clones son idénticos, mostrando las secuencias específicas de γ2 o γ3. Sin embargo, algunos clones, tales como #72/1, muestran diferencias menores. Por ejemplo, en el caso de los clones #72/1 se detectan diferencias en dos nucleótidos.

Varios ADNc de las regiones V_{HH} se han secuenciado ahora total o parcialmente, con excepción de una corta región en el extremo N-terminal que se deriva del cebador.

En la traducción, la mayoría muestra las secuencias características Ser₂₁, Cys₂₂ y Tyr₉₀ Tyr₉₁ Cys₉₂, del puente disulfuro intra-región V_{HH} que une los residuos 22 y 92. Todos estos clones tienen una secuencia que corresponde con los residuos de la estructura 4 (FR4) de la región variable que precede inmediatamente la secuencia bisagra postulada (Tabla 3). Esta secuencia se genera por los minigenes J y en la mayoría de los casos es similar a la secuencia codificada por los minigenes J de humano y ratón. La longitud de la secuencia entre la Cys₉₂ de la región y el extremo C-terminal de las regiones V_{HH} es variable y, en las secuencias determinadas, oscila desde 25 hasta 37 aminoácidos, como se podría esperar a partir de las reconfiguraciones de los minigenes J y D que varían en longitud.

ES 2 325 541 T3

Surgen varias preguntas importantes por la existencia exclusiva de estas inmunoglobulinas de cadena pesada en una situación no patológica. En primer lugar, ¿son anticuerpos auténticos? Las inmunoglobulinas de cadena pesada obtenidas a partir de los camellos infectados por tripanosoma, reaccionan con un gran número de antígenos de parásitos, tal como se muestra en la parte I de estos ejemplos. Esto implica que el sistema inmune del camélido genera un amplio número de sitios de unión compuestos por dominios V_{HH} únicamente. Esto se confirma por la diversidad de las regiones VHH de las inmunoglobulinas de cadena pesada obtenidas por POR.

La segunda pregunta es “¿cómo se secretan?”. La secreción de las cadenas pesadas de las inmunoglobulinas que componen las inmunoglobulinas del modelo de cuatro cadenas no se produce bajo condiciones normales. Una proteína chaperonina, la proteína de unión a la cadena pesada, o proteína BIP, evita que las cadenas pesadas se secretan. Es sólo cuando la cadena ligera desplaza a la proteína BIP en el retículo endoplasmático cuando puede producirse la secreción (13).

El dímero de cadenas pesadas encontrado en el suero de humano o ratón con la denominada “enfermedad de la cadena pesada”, carece de los dominios C_H1 que se piensa que albergan el sitio BIP (14). En ausencia de este dominio, la proteína BIP puede que no se una más y que no evite el transporte de las cadenas pesadas.

La presencia en los camellos de una clase IgG1 compuesta por cadenas pesadas y ligeras que constituyen entre el 25% y el 50% de las moléculas totales de IgG, también plantea el problema de cómo se produce la maduración y el intercambio de clase y de cuál es el papel de la cadena ligera. La cadena ligera del camélido parece inusualmente grande y heterogénea cuando se examina en SDS-PAGE.

La mayor dimensión de un dominio aislado es de 40 Å y la máxima extensión obtenible entre los sitios de unión de una IgG convencional con C_H1 y V_{HH} será del orden de 160 Å ($2V_{HH} + 2C_H1$) (19). La delección del dominio C_H1 en los dos tipos de anticuerpos de cadena pesada desprovistos de cadenas ligeras, ya secuenciados, tiene como resultado una modificación de esta extensión máxima (fig. 6). En la IgG3, la enorme distancia entre las extremidades de las regiones V_{HH} será del orden de 80 Å ($2V_{HH}$). Esto podría ser una grave limitación para la aglutinación o el entrecruzamiento. En la IgG2 esto se compensa por la región extremadamente larga de la bisagra, compuesta por una repetición de 12 veces de la secuencia Pro-X (en la que X es Gin, Lys o Glu) y localizada en posición N-terminal con respecto a los puentes disulfuro de la bisagra. Por el contrario, en la IgG3 humana, la bisagra muy grande que también surge aparentemente como resultado de la duplicación de la secuencia, no contribuye a incrementar la distancia que se extiende a lo largo de los dos sitios de unión cuando esta bisagra se intercala con los puentes disulfuro.

El único dominio VHH también podría permitir probablemente la libertad rotacional considerable del sitio de unión frente al dominio Fc.

A diferencia de las cadenas pesadas del mieloma que probablemente resultan de la delección de C_H1 en una única célula que produce anticuerpos, o los anticuerpos de cadena pesada producidos por la donación de expresión (15), los anticuerpos de cadena pesada del camélido (desprovistos de cadenas ligeras) han aparecido en un entorno inmunológico normal y se espera que habrán sufrido refinamiento selectivo en la especificidad y la afinidad que acompaña a la maduración de las células B.

45 Expresión y purificación de la proteína $V_{HH}21$ de camello (DR21 en la figura 7) a partir de *E. coli*

Los clones pueden expresarse en varios tipos de vectores de expresión. Como un ejemplo que usa un vector comercialmente disponible Immuno PBS (Huse *et al*: Science (1989) 246, 1275), los clones producidos en Bluescript® de acuerdo con el procedimiento anteriormente descrito, se han recuperado por PCR usando el mismo *Xho*I que contiene el cebador 5' y un nuevo cebador 3' que corresponde a los residuos 113-103 en la estructura de las inmunoglobulinas, en las que se ha construido un sitio *Spe*: TC TTA ACT AGT GAG GAG ACG GTG ACC TG. Este procedimiento permitió la clonación de V_{HH} en el sitio *Xho/Spe* del vector Immuno PBS. Sin embargo, el extremo 3' del gen no estaba en fase con el “marcador” de identificación y el codón de terminación del vector. Para lograr eso, el constructo se cortó con *Spe* y los salientes de 4 bases se completaron usando el fragmento Klenow tras lo cual se volvió a ligar el vector.

55 - El vector de expresión plásmido ipBS (immunopBS) (Stratacyte) contiene una secuencia líder pel B que se usa para la expresión de la cadena de inmunoglobulina en *E. coli* bajo el control del promotor pLAC, un sitio de unión al ribosoma y codones de terminación. Además, contiene una secuencia para un marcador decapéptido C-terminal.

60 - *E. coli* JM101 que alberga el plásmido ipBS- $V_{HH}21$ se hizo crecer en 1 l de medio TB con 100 µg/ml de ampicilina y glucosa al 0,1% a 32°C. La expresión se indujo por la adición de IPTG 1 mM (concentración final) a una DO₅₅₀ de 1,0. Tras la inducción durante la noche a 28°C, las células se recogieron mediante centrifugación a 4.000 g durante 10 min (4°C) y se resuspendieron en 10 ml de tampón TES (Tris-HCl 0,2 M, pH 8,0, EDTA 0,5 mM, sacarosa 0,5 M). La suspensión se mantuvo en hielo durante 2 horas. Las proteínas periplasmáticas se eliminaron por choque osmótico mediante la adición de 20 ml de tampón TES diluido 1:4 v/v con agua, se mantuvieron en hielo durante una hora y posteriormente se centrifugaron a 12.000 g durante 30 min a 4°C. La fracción periplasmática del sobrenadante se dializó contra Tris-HCl a pH 8,8, NaCl 50 mM, se aplicó en una columna de flujo rápido Q Sepharosa (Pharmacia), se lavó con el tampón anterior y se eluyó con un gradiente lineal de NaCl de 50 mM a 1 M en tampón.

ES 2 325 541 T3

Las fracciones que contenían la proteína V_{HH} se purificaron adicionalmente en una columna Superdex 75 (Pharmacia) equilibrada con tampón PBS (fósforo 0,01 M a pH 7,2, NaCl 0,15 M). El rendimiento de la proteína V_{HH} purificada varía desde 2 hasta 5 mg/l por cultivo celular.

5 Las fracciones se analizaron por SDS-PAGE(I). La identificación positiva del fragmento VHH del anticuerpo del camello se hizo mediante análisis de Western Blot usando anticuerpo producido en conejos contra la IgGH₃ purificada del camello y un conjugado anti-IgG del conejo - fosfatasa alcalina (II).

Como patrones de la proteína (Pharmacia), se usaron proteínas periplasmáticas preparadas a partir de 1 ml de
10 IPTGJM101 inducida/IpBS-V_{HH}21. La Figura 8 muestra: C,D: fracciones a partir de la cromatografía rápida en columna de S Sepharosa (C:Eluido en NaCl 650 mM, D:Eluido en NaCl 700 nM), E,F:fracciones a partir de la cromatografía en columna Superdex 75.

Como puede observarse, la principal impureza se elimina por la cromatografía de intercambio jónico y la mayoría
15 de las impurezas que quedan se eliminan mediante filtración en gel.

20 (Tabla pasa a página siguiente)

25

30

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 325 541 T3

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Camello	γ_3	28kd	250	260	270
Clon	#72/1		- L P G G P S V F V F P P K P K D V L S I X G X P -		
Clon	#72/4		- L P G G P S V F V F P P T K P K D V L S I S G R P -		
Clon	#72/29		- L P G G P S V F V F P P K P K D V L S I S G R P -		
Humano	$\gamma_1\gamma_3$		- L L G G P S V F F - E P P K P K D V L S T S G R P -		
CH2	γ_2		- L L G G P S V F L F P P K P K D T L M T S R T P -		
	γ_4		- V A - G P S V F L F P P K P K D T L M T S R T P -		
			- F L G G P S V F L F P P K P K D T L M T S R T P -		

	C _{H2}	C _{H3}
	360	370
Camello	γ_3 14kd	- K G Q T R E P Q V Y T L A P X R L E L -
Humano	γ_1	- K G Q P R E P Q V Y T L P P S R D E L -
C _{H2} /C _{H3}	γ_2, γ_3	- K G Q P R E P Q V Y T L P P S R E E M -
	γ_4	- K G Q P R E P Q V Y T L P P S Q E E M -

Tabla 1
 Comparación de las secuencias C_{H2} y C_{H3} del extremo N-terminal del Camello con las secuencias traducidas de ADNC de las inmunoglobulinas del Camello y con las secuencias γ correspondientes humanas. (Numeración según Kabat et al (1987) (7)).

ES 2 325 541 T3

5						
10						
15						
20						
25						
30						
35						
40						
45						
50						
55						
60						
65						

de 1 de 1

Derivado de 1

10 20 30

G G S V Q T G G S L R L S C E I S G L T F D #72/4
 G G S V Q T G G S L R L S C A V S G F S F S #72/3
 G G S E Q G G G S L R L S C A I S G Y T Y G #72/7
 G G S V Q P G G S L T L S C T V S G A T Y S #72/17
 G G S V Q A G G S S L R L S C T G S G F P Y S #72/18
 D V Q L V A S G G G S V G A G G S L R L S C T A S G D S F S #72/2
 E V K L V E S G G G L V E P G G S L R L S C A T S G F = F S V_HIII_A del ratón
 E V Q L I S G G G L V Q P G G S L R L S C A A S G F T F S V₃III de humano

Tabla 2:

Una comparación de las regiones Frl del extremo N-terminal del V_{HR} del Camelio con una proteína del subgrupo V_HIII humana y una proteína del subgrupo V_HIII_A del ratón.
 Los residuos específicos invariantes del subgrupo están en gris.

ES 2 325 541 T3

TABLA 3

Comparación de algunos residuos de la Estructura 4 encontrados en la región V_{HH} del Camello con los residuos de la Estructura 4 correspondientes a la región consenso de los minigenes J de Humano y Ratón

Estructura 4													Genes J			
Humano													J1, J4, J5			
W G Q G T L V T V S S													J2			
W G R G T L V T V S S													J6			
W G Q G T T V T V S S													J3			
15																
Murino													J1			
W G Q G T T L T T V S S													J2			
W G Q G T S V T V S A													J3			
W G A G T T V T V S S													J4			
25																
Camello													Clones de ADNc			
W G Q G T Q V T V S S													Clones			
W G Q G T Q V T V S S													#72/19=#72/3			
W G Q G T L V T V S S													1 Clon			
W G R G T Q V T V S S													#72/24			
W G Q G T H V T V S S													#72/21			
W G Q G I Q V T A S S													#72/16			
30																
40																
45																
50																
55																
60																
65																

ES 2 325 541 T3

Humano y ratón - intervalo de tamaño: 0-19 aa	más de 600 entradas
8-24 aa	18 entradas
Camello	

TABLA 4

ES 2 325 541 T3

TABLA 5(1)

	10	20		40			
5	EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASG	CDR1	WVRQA	PGKGLEWVS	CDR2
	GG	SVQGGGSLRL	SCAISG	CDR1	WFREG	PGKEREGIA	CDR2
	GG	SVQAGGSLRL	SCASSS	CDR1	WYRQA	PGKEREFVS	CDR2
10							
15	70	80	90		110		
	RFTIS	RDNSKNLTYL	QMNSLRAEDTAVY	YCAR	CDR3	WGQGTIVLT	VSS
	RFTIS	QDSTLKTMYL	LMNNLKPEDTGTY	YCAA	CDR3	WGQGTQVT	VSS
20	RFTIS	QDSAKNTVYL	QMNSLKPEDTAMY	YCKI	CDR3	WGQGTQVT	VSS
25							
30	camello	V _m del camello	Bisagra		CH2		
	camello	WGQGTQVT VSS	GTNEVCKCPKCP	APELPGG PSVFVFP			
		WGQGTQVT VSS	EPKIPQPQPKPQPOP QPQPKPQPOP KPEPECTCPKCP	APELLGG PSVIFIP			
35							

TABLA 5(2)

	C _H 1 humano	Bisagra	C _H 2
45	gamma 3 humano KVDKRV	ELKTPPLGDTTHTCPRCP	
50		EPKCSDTPPPCCRCP	
55	gamma 1 humano KVDKK	EPKSCDTPPPCCPPCP	APELLGG PSVFLFP
60	gamma 2 humano KVVKTV	AEPKSCDKTHTCPPCP	APEFLGG PSVFLFP
	gamma 4 humano KVDKRV	ERKCCVECPPCP	APPVAG- PSVFLFP
		ESKYCPPCPSCP	APEFLGG PSVFLFP

Bibliografía

1. Ward, E.S., Güssow, D., Griffits, A.D., Jones, P.T. y Winter G., *Nature* 341, 544-546 (1989).
- 5 2. Ungar-Waron H., Eliase E., Gluckman A. y Trainin Z., *Isr. J. Vet. Med.* 43, 198-203 (1987).
3. Bajyana Songa E. y Hamers R., *Ann. Soc. Beige Med. trop.* 68, 233-240 (1988).
- 10 4. Edelman G.M., Olins D.E., Gally J.A. y Zinder N.D., *Proc. Nat. Acad. Sc.* 50, 753 (1963).
5. Franek P. y Nezlin R.S., *Bickhimiya* 28, 193, (1963).
6. Roitt I.M., Brostof J. y Male D.K., *Immunology*, Gower Med. Pub. London, New-York, S. 9.2. (1985).
- 15 7. Schiffer M., Girling R.L., Ely K.R. y Edmyson B., *Biochemistry* 12, 4620-4631 (1973).
8. Fleischman J.B., Pain R.H. y Porter R.R., *Arch. Biochem. Biophys.* Suppl. 1, 174 (1962).
- 20 9. Roholt O., Onoue K. y Pressman D., *PNAS* 51, 173-178 (1964).
10. Seligmann M., Mihaesco E., Preud'homme J.L., Danon P. y Brouet J.C., *Immunological Rev.* 48, 145-167 (1979).
- 25 11. Henderschot L., Bole D., Köhler G. y Kearney J.F., *The Journal of Cell Biology* 104, 761-767 (1987).
12. Henderschot L.M., *The Journal of Cell Biology* 111, 829-837 (1990).
- 30 13. Hamers-Casterman, C., E. Wittouck, W. Van der Loo y R. Hamers, *Journal of Immunogenetics* 6, 373-381 (1979).
14. Applied Biosystems - Ethanol Precipitation of Electro Eluted Electrodialysed Sample. Ausgabe Nr. 27.
15. Maniatis, T., E.F. Fritsch y J. Sambrook, *Molecular Cloning. A Laboratory Manual* (1988).
- 35 16. Sastry et al., *PNAS* 86, 5728, (1989).
17. Sanger, F., S. Nickien y A.R. Coulson, *Proc. Nati. Acad. Sci. U.S.A.* 74, 5463-5467 (1977).
- 40 18. Kabat E.A., Tai Te Wu, M. Reid-Miller, H.M. Perry y K.S. Gottesman, U.S. Dpt of Health and Human Services, Public Health Service, National Institutes of Health (1987).
19. Valentine, R.C. y N.M. Geen, *J.M.B.* 27, 615-617 (1967)).

45

50

55

60

65

REIVINDICACIONES

- 5 1. Inmunoglobulina con especificidad al antígeno determinada, y teniendo un fragmento variable que es derivado de una inmunoglobulina llamada de cadena pesada que tiene dos cadenas de polipéptidos pesados capaces de reconocer y unir uno o varios antígenos y que además está naturalmente desprovista de cadenas ligeras donde, la inmunoglobulina que tiene especificidad al antígeno determinada está desprovista de la región constante CH1 entre la región variable y la región de articulación y tiene dentro de su región constante al menos parte de una región constante de un anticuerpo humano.
- 10 2. Inmunoglobulina de acuerdo a la reivindicación 1, donde el fragmento variable es derivado de una inmunoglobulina de cadena pesada de camélido.
- 15 3. Inmunoglobulina de acuerdo a la reivindicación 2, donde el fragmento variable es un fragmento variable de una inmunoglobulina de cadena pesada de camélido.
- 20 4. Inmunoglobulina de acuerdo a cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, donde la región constante comprende un dominio CH2 o un dominio CH3 o, ambos dominios CH2 y CH3 de un anticuerpo humano.
- 25 5. Inmunoglobulina de acuerdo a cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4 que es derivada de una inmunoglobulina de cadena pesada naturalmente desprovista de cadenas ligeras y teniendo dos cadenas de polipéptido pesadas capaces de reconocer y unir uno o varios antígenos.
- 30 6. Inmunoglobulina de acuerdo a cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5 que es derivada de una inmunoglobulina de cadena pesada naturalmente desprovista de cadenas ligeras y teniendo dos cadenas de polipéptido pesadas capaces de reconocer y unir uno o varios antígenos siendo humanizada por el reemplazo de parte de su secuencia variable por parte de un anticuerpo humano.
- 35 7. Inmunoglobulina de acuerdo a la reivindicación 6, donde la secuencia variable es humanizada por el reemplazo de uno o más de sus residuos de armazón, por residuos de armazón humanos.
- 40 8. Inmunoglobulina de acuerdo a cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7 donde la inmunoglobulina de cadena pesada naturalmente desprovista de cadenas ligeras es una inmunoglobulina de camélido.

35

40

45

50

55

60

65

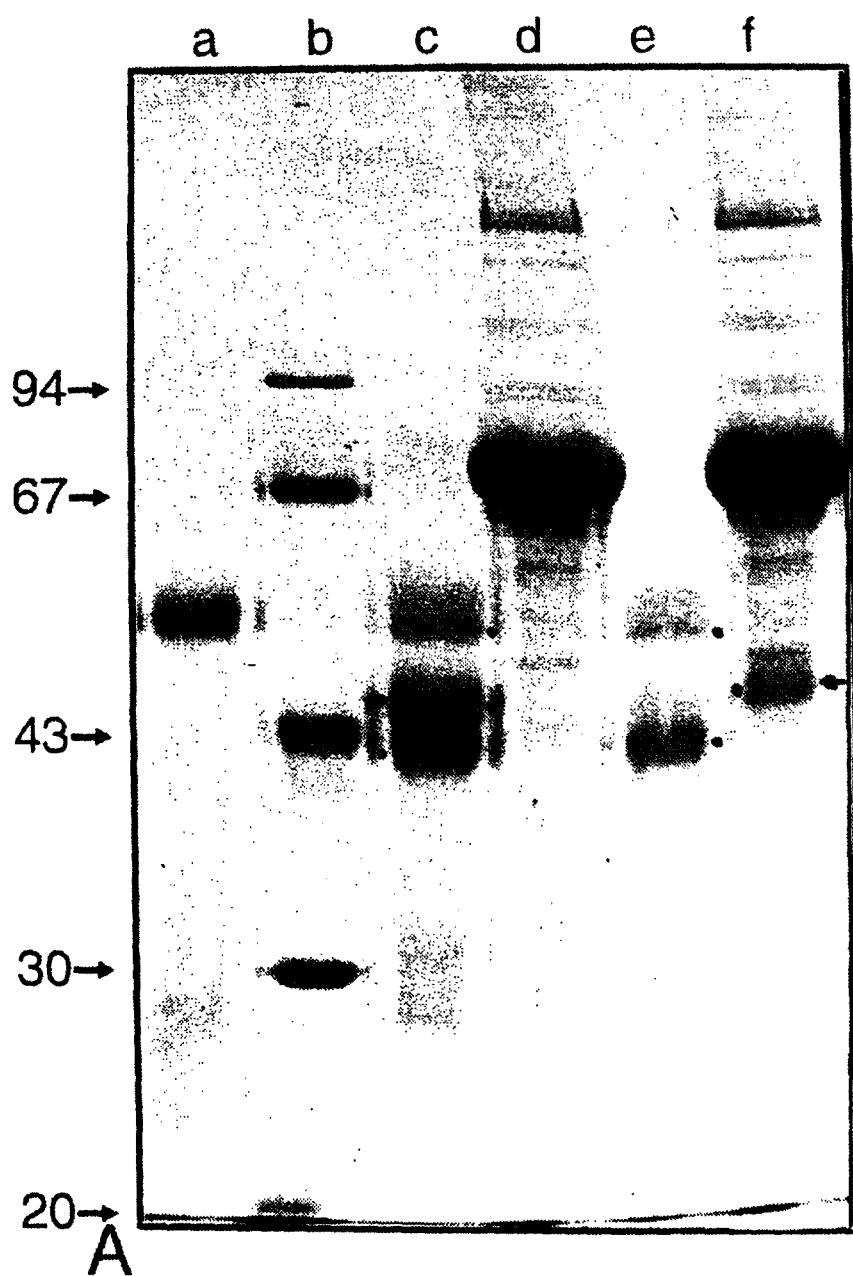


FIGURA 1A

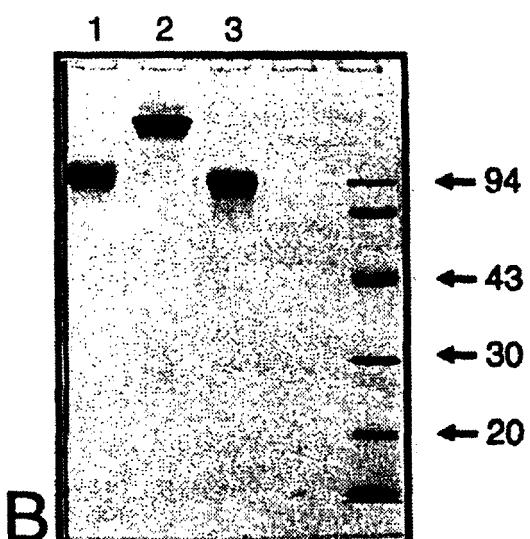


FIGURA 1B

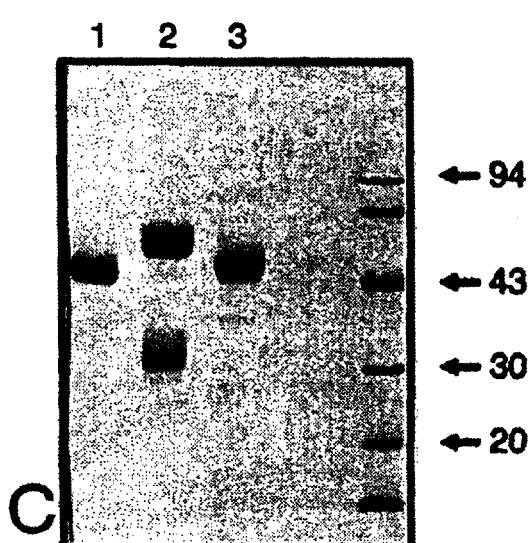


FIGURA 1C

ES 2 325 541 T3

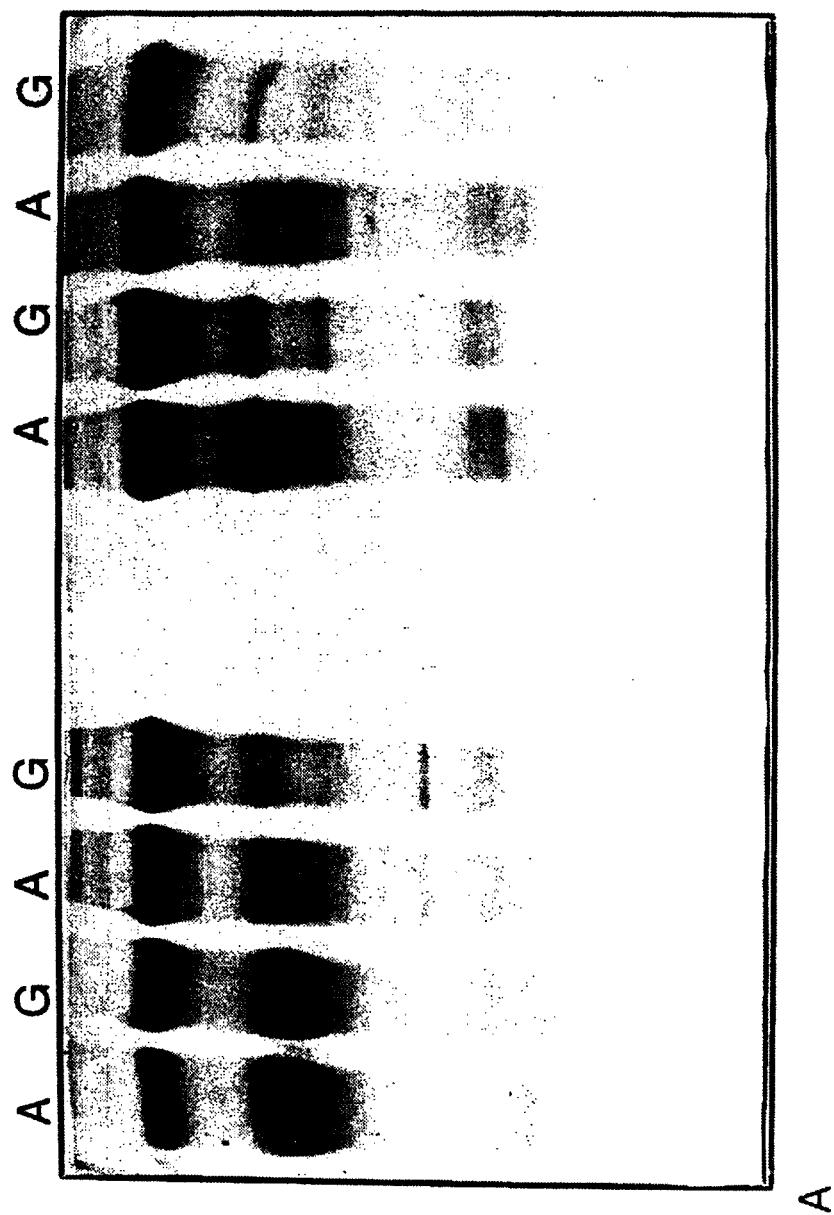


FIGURA 2A

A

ES 2 325 541 T3

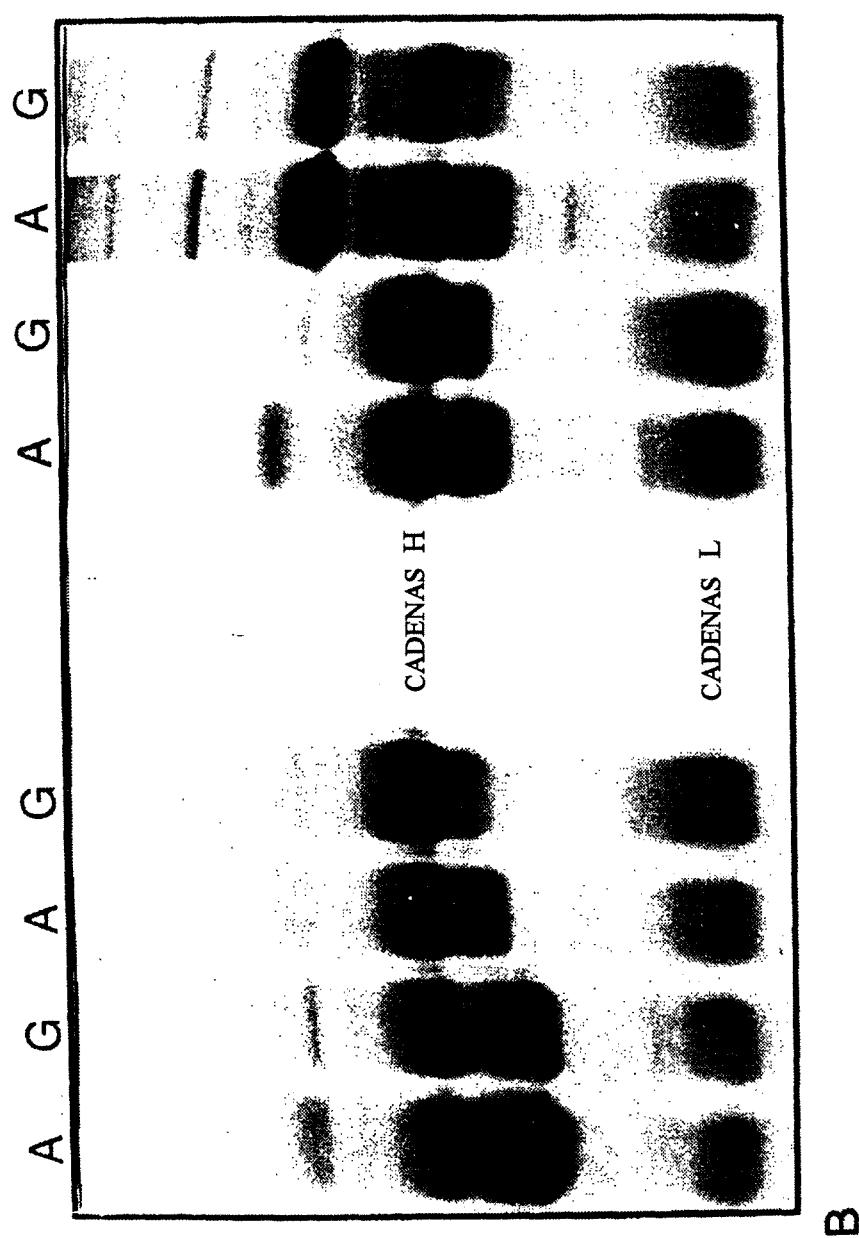


FIGURA 2B

B

ES 2 325 541 T3

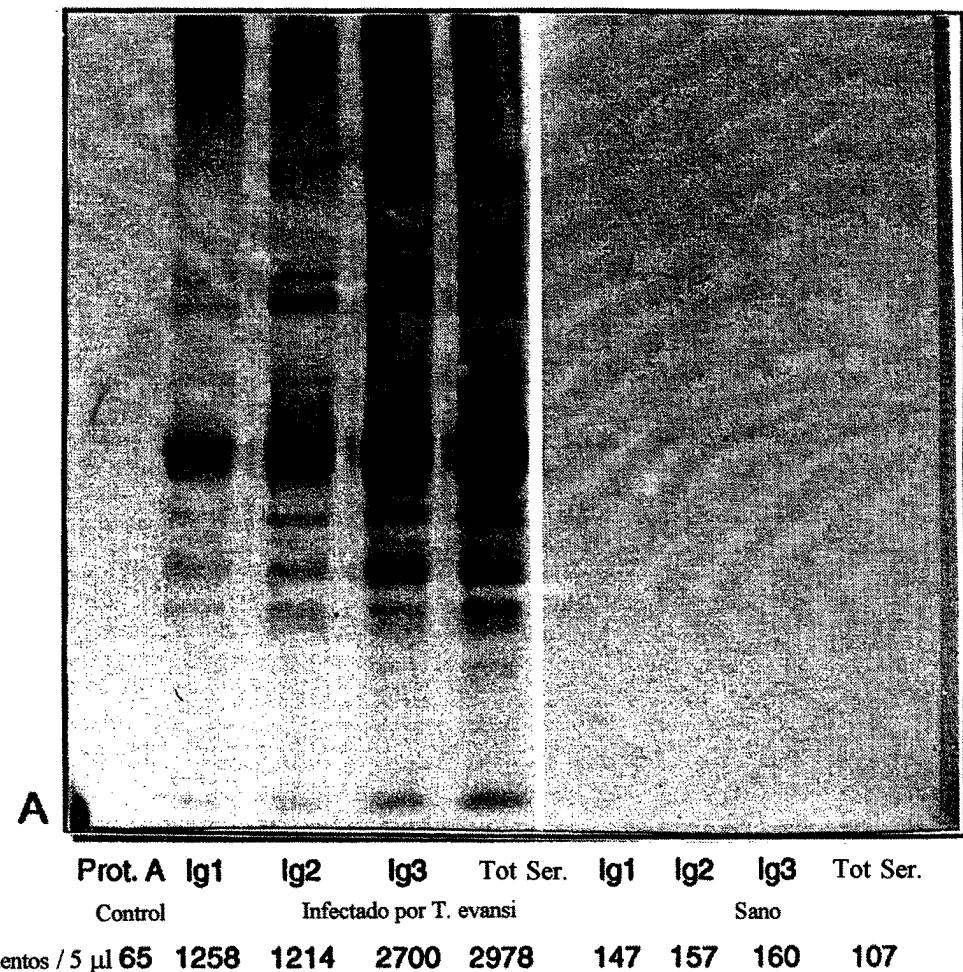


FIGURA 3A

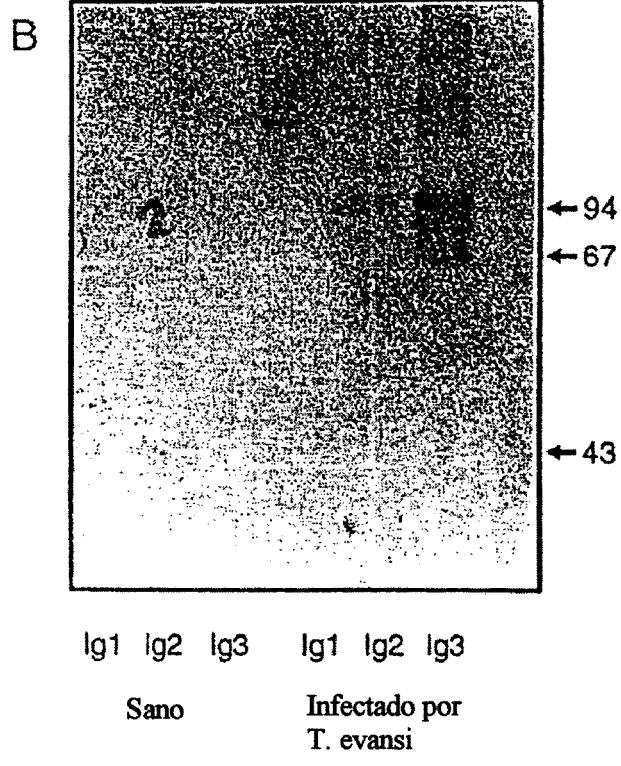


FIGURA 3B

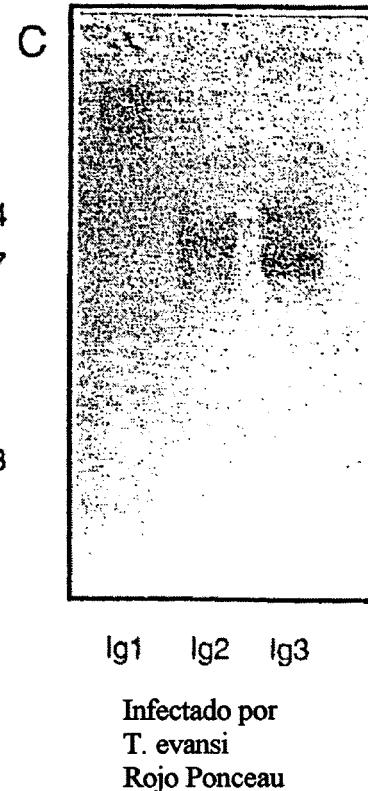


FIGURA 3C

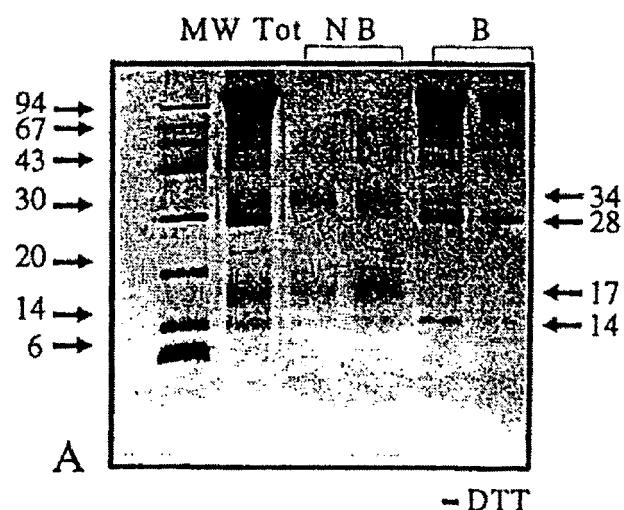


FIGURA 4A

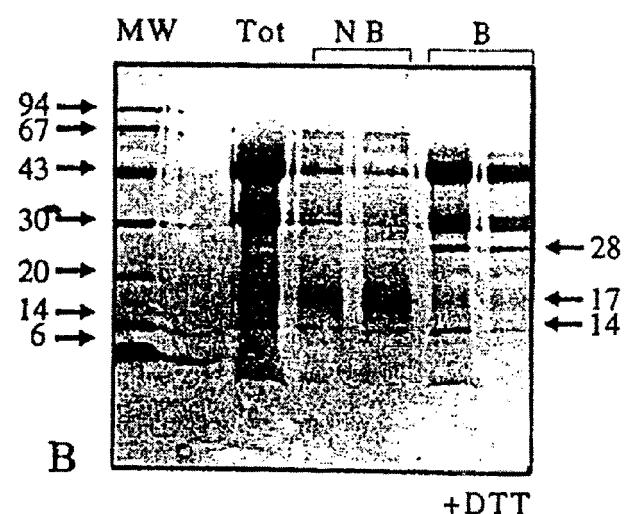
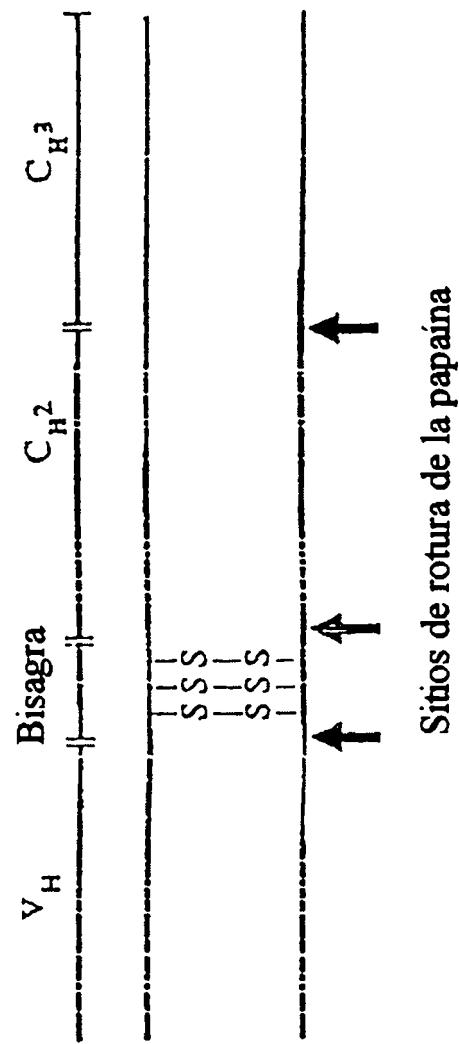


FIGURA 4B

Análisis de los fragmentos cortados
por papaína en la IgG₃ por SDS-PAGE

Modello para la IgG3 de camello



Sitios de rotura de la papaina

Fig. 5: Representación esquemática del modelo de IgG3 del camello

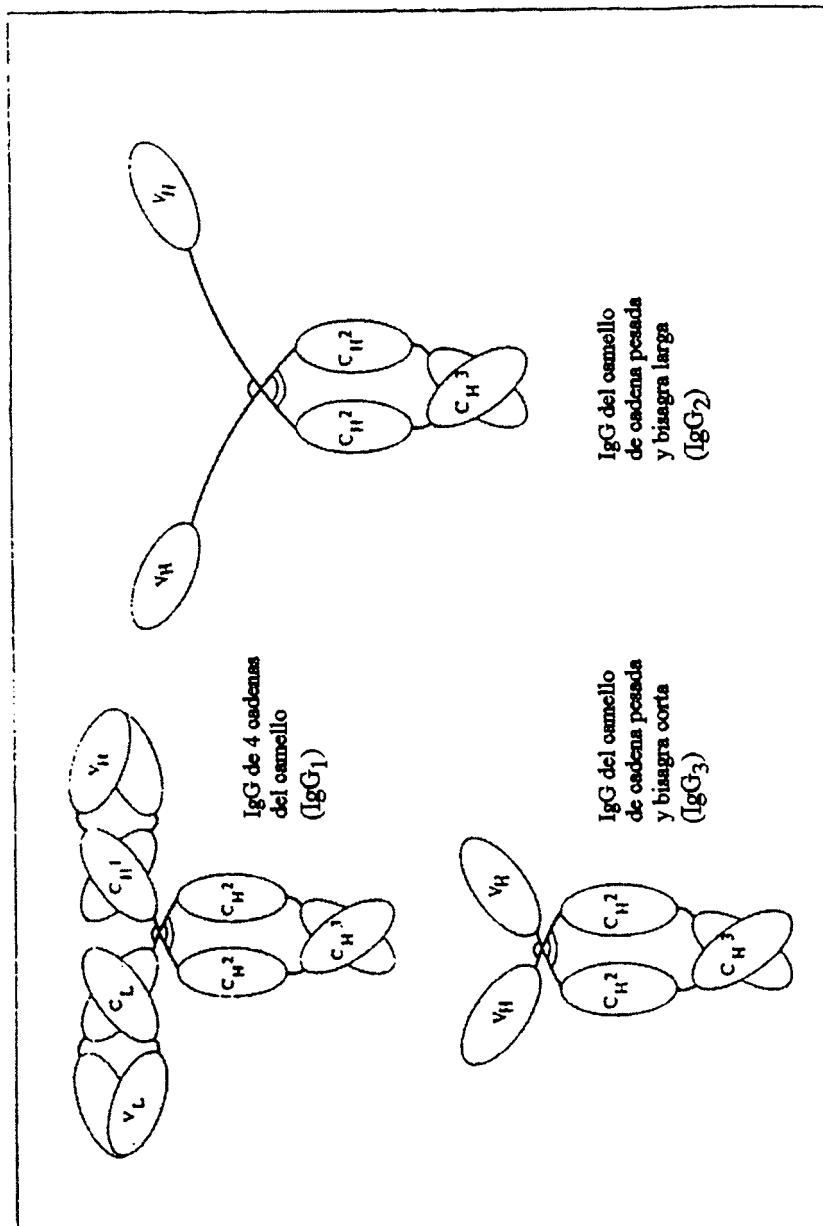


Fig 6: Una representación esquemática de las immunoglobulinas IgG1, la supuesta IgG2 y la IgG3 del camello. El gran (Pro-X)12 de la supuesta molécula IgG2 puede modelarse en una repetición de 6 aminoácidos

ES 2 325 541 T3

DR01006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR27006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR03006	C-----AGGTGA-----	AACTGCTCGAG --- TCTGGAGGAGG
DR11006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR24006	C-----AGGTGA-----	AACTGCTCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR16006	C-----	TCGAG --- TCTGGAGGAGG
DR19006	C-----	TCGAG --- TCTGGAGGAGG
DR07006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR16006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR20006	C-----	TCGAG --- TCAGGGGGAGG
DR25006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR20006	C-----	TCGAG --- TCTGGAGGAGG
DR21006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR09006	C-----AGGTGA-----	AACTGCTCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR17006	C-----	TCGAG --- TCTGGGGGAGG
DR13006	C-----	TCGAG --- TCAGGGGGAGG
DR02006	CTCGAGTCAGGTGTCCGGTCTGATGTGCAGCTGGTGGCGTCTGGGGGAGG	
DR11006	.TCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTC -- GTGCG - CAGCCTCTG	
DR27006	CTCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTGCATCTCTCTA	
DR03006	CTCGGTGCAAGACTGGAGGATCTCTGAGACTCTCTGTGCAGT -- C - TCTG	
DR11006	GTCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTAAATGT -- C - TCTG	
DR24006	GTCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTAAATGT -- C - TCTG	
DR16006	CTCGGCAGGCTGGAGGGATCTCTGAGACTCTCTGTGCAGC -- CCACGG	
DR19006	CTCGGTTAGGCTGGAGGGTCCCTTAGACTCTCTGTGCAGC -- C - TCTG	
DR07006	CTCGGTGCAAGGGTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTGCAA -- TCTCTG	
DR16006	CTCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTACAG -- GCTCTG	
DR20006	CTCGGTACAGGTTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTGTAG -- CCTCTA	
DR25006	CTCGGTACAACACTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTTGCG -- AAATCTCTG	
DR20006	CTCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTG -- TAGCCTCTG	
DR21006	CTCGGTGCAAGGTTGGAGGGTCTCTGAAACACTCTCTGTAAAAT -- CTCTG	
DR09006	CTCGGTGCAAGGCTGGGGGGTCTCTGACACTCTCTGTG -- TATAACAC --	
DR17006	CTCGGTCCAACCTGGAGGATCTGACACTCTCTGTACAGTT -- TCTG	
DR13006	CTCGGTGGAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTACAG -- CCTCTG	
DR02006	CTCGGTGCAAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCTGTACAG -- CCTCTG	
DR01006	GA -- TACAGTAATT -- GTCCCCTCACTTG - GAGCTGGTATGCCAGTT	
DR27006	AA -- TATATGCCTT -- GCACCTACGACAT - GACCTGGTACCGCCAGGCT	
DR03006	GA -- TTCTCCCTTA -- GTACCAGTTGAT - GGCCCTGGTTCCGCCAGGCT	
DR11006	GC -- TCTCCCAGTA -- GTACTTATTGCT - GGGCTGGTTCCGCCAGGCT	
DR24006	GC -- TCTCCCAGTA -- GTACTTATTGCT - GGGCTGGTTCCGCCAGGCT	
DR16006	GA -- TTCCCG - TCA -- ATGGTTACTACAT - CGCCCTGGTTCCGTCAGGCT	
DR19006	AC -- TACACCATCA -- CTGATTATTGCT - GGCCCTGGTTCCGCCAGGCT	
DR07006	GA -- TACACGTACG -- GTAGCTTCTGTAT - GGGCTGGTTCCCGAGGGT	
DR16006	GA -- TTCCCCTATA -- GTACCTTCTGTCT - GGGGTGGTTCCGCCAGGCT	
DR20006	CT -- CACACCGACA -- GTAGCACCTGTAT - AGGCTGGTTCCGCCAGGCT	
DR25006	GA -- TTGACTTTG -- ATGATTCTGACGT - GGGGTGGTACCGCCAGGCT	
DR20006	GA -- TTCAATTTCG -- AACACTCTCGTAT - GGCGTGGTACCGCCAGACT	
DR21006	GAGGTACCCAGATCGTGTCTAAATCTTGGCCTGGTTCCGCCAGGCT	

FIGURA 7(1)

ES 2 325 541 T3

DR09006	-----CAACGATACTGGGACCA-----	TGGGATGGTTTCGCCAGGCT
DR17006	--GGGCCACCTACA--	GTA-GTACTACAGTATTGGA-TGGATCCGCCAGGCT
DR13006	G-----	ATACGTAT-CCT---
DR02006	GAGA---	CAGTTTAGTGTAGATT--TGCCATGTCTGGTCCGCCAGGCT
 DR01006	CCAGGAACGGAGCGCGAGTTCGTCTCCAGTATGGATCCGGATGGA-AATAC	
DR27006	CCAGGCAGGAGCGCGAATTGTCCTCAAGTATAAATATTGATGGTAAGAC	
DR03006	TCAGGAAAGCAGCGTGGGGGGTCGCAGCCATTAAATAGTGGCGGTGGTAG	
DR11006	CCAGGGAGGGAGCGTGGGGGGTCACAGCGATTAA-----	CACTGATGG
DR24006	CCAGGGAAAGGAGCGTGGGGGGTCACAGCGATTAA-----	CACTGATGG
DR16006	CCTGGGAAGGGGGCGTGGGGGGTCGCAACAAATTAAATGGTGGTCG-----	
DR19006	CCAGGGAAAGGAGCGTGAATTGGTCGCAGCGATTCAAGTTGTCCGTAGTGA	
DR07006	CCAGGCAGGAACTGTGAGGGGATCGAACATTCTTAATGGTGGTACTAA	
DR16006	CCAGGGAAAGGAGCGTGGGGGGTCGCGGGTATTAAATAGTGCAGGAGGTAA	
DR20006	CCAGGGAAAGGAGCGCAGGGGGTCGCAAGTATAATTTGGTGTGATGGTGG	
DR25006	CCAGGGGATCGAGTCAAATTGGTCCTAGGTATCTGAGTGTGATGGTACT-C	
DR20006	CCAGGGAAATGTGTGAGTTGGTCCTAAGTATTACAGTGTGATGG-----	
DR21006	CCAGGAAGGAGCGCAGGGGGATCGCAGTTCTCGACTAAGGATGGTAA	
DR09006	CCAGGGAAAGAGTGCAGGGGGTCGCATATTACGCCTGATGGTATGAA-	
DR17006	CCAGGGAAAGGACCGTGAAGTAGTCGAGCCGCTAATACTGGT-----	
DR13006	CCAGGGCAGGAGCGCAGGGGGTCGGTTGGTCAAAACGG-----	
DR02006	CCAGGGAAAGGAGTGCAGGGGGTCGCATTAAGCATTCAAAGTAATGGAAGGAC	
 DR01006	CAAGTACA-----	CATACTCCGTGAAGGGCCGCTTCACC
DR27006	AACATACG-----	CAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCA
DR03006	GACATACTA-CAACACATATGTCGCCGAGTCCTGTGAAGGGCCGATTGCC	
DR11006	CAGTATCAT-ATACGCA-----	GCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCA
DR24006	CAGTGTCA-ATACGCA-----	GCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCA
DR16006	-----CGA-CGTCACATACGCGACTCCGTGACGGGGCGATTAC	
DR19006	TACT-CGC-C-TCACAGACTACGCCACTCCGTGAAGGGACGATTCA	
DR07006	-----CACATACTATGCCGACTCGGTGAAGGGCCGATTCA	
DR16006	-----TACTTACTATGCCGACGCCGTGAAGGGCCGATTCA	
DR20006	-----TACGAATTATCGCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCA	
DR25006	CATATACAAAGAGTGGAGACTATGCTGAGTCTGTGAGGGGCCGGTTAC	
DR20006	CA-AAACATACACTACGTCGACC-GCA-----	TGAAGGGCCGATTCA
DR21006	GA-----CATTTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCA	
DR09006	-----CCTCATTGATGAAACCCGTGAAGGGCCGATTCA	
DR17006	-----CGACTAGTAAATCTACGTCGACTTTGTGAAGGGCCGATTCA	
DR13006	--CTGACAAT-AGTGCATTATATGGCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCA	
DR02006	AACTGAA-----GGCCGATTCCGTGCAAGGCCGATTCA	
 DR01006	ATGTCCCAGGGCAGCACCGAGTACACAGTATTCTGCAAATGGACAATCT	
DR27006	ATCTCCCAAGACAGCGCCAAGAACACGGTGTATCTGCAGATGAAACAGCCT	
DR03006	ATCTCCCAAGACAAAGCCAAGAACACCGTATATCTGATATGAAACACCT	
DR11006	ATCTCCCAAGACACCGCCAAGGAAACCGTACATCTCAGATGAAACACCT	
DR24006	ATCTCCCAAGACACCGCCAAGAAAACCGTATATCTCAGATGAAACACCT	
DR16006	ATCTCCCAGACAGCCCCAAGAACATCGGTGTATCTGCAGATGAAACAGCCT	
DR19006	ATCTCCCAAGGAAACACCAAGAACACAGTGAATCTGCAAATGAAACAGCCT	
DR07006	ATCTCCCAAGACAGCACGGTGAAGACGATGTATCTGCTAATGAAACACCT	
DR16006	ATCTCCCAAGGGAAATGCCAAGAACATCGGTGTGCAAATGGATAACTT	
DR20006	ATCTCCCAACTCAACGCCAGAACACAGTGTATCTGCAAATGAAACAGCCT	
DR25006	ATCTCCAGAGAACACGCCAGAACATGATATACCTCAAATGAAACAGCCT	
DR20006	ATTTCTAGAGAGAATGCCAAGAACATGTTGATCTACAACTGAGCGGCCT	
DR21006	ATCTCTTAGATAATGACAAGACCAATTCTCTCTTACAACTTGATCGACT	
DR09006	ATCTCCCAGAGAACACGCCAGAAAACGTTGCTTGCAGATGAAATAGTCT	

FIGURA 7(2)

ES 2 325 541 T3

DR17006	ATTTCCCAGACAAACGCCAAGAACACGGTATATCTGCAAATGAGCTTCCT
DR13006	ATCTCCCACGACAAACGCCAAGAACACGGTATATCTGCAAATGCGCAACCT
DR02006	ATCTCCCAGACAAATTCCAGGAACACAGTATCTGCAAATGAACAGCCT
 DR01006	GAAACCTGAGGACACGGCGATGTATTACTGTAAAAC-A---GCCCTAC--
DR27006	GAAACCTGAGGACACGGCGATGTATTACTGTAAAAT-A---GA---TTC--
DR03006	AACCCCTGAAGACACGGCTACGTATTACTGTGCGGCCGG---TCCCAGCCC
DR11006	GCAACCTGAGGATAACGGCCACCTATTACTGTGCGGCCAA---GACTGACGG
DR24006	GCAACCTGAGGATAACGGCCACCTATTACTGTGCGGCCAA---GACTGACGG
DP16006	GAAACCTGAGGACACGGCCATCTACTTCTGTGCAAGCAG---G-----CTC
DR19006	GACACCTGAGGACACGGCCATCTACAGTGTGCGGCCAA---C-----CAG
DR07006	GAAACCTGAGGACACGGGCACCTATTACTGTGCTG-CAGTGTGCG---CA---GAACTAAGT
DR16006	GAAACCTGAGGACACGGGCATCTATTACTGTGCGCGG-CG---GATAGTCCA
DR20006	GAAACCTGAGGACACGGCCATGTATTACTGTGCGGGTAGATGGTTGGACCC
DR25006	GAAACCTGAGGACACGGCCATGTATTACTGTGCGG-----CC
DR20006	CAAACCTGAGGACACGGCCATGTATTACTGTGCGG-----CC
DR21006	GAACCCGGAGGACACTGCCGACTACTACTGTGCTGCCAAATCAATTAGC--
DR09006	GAGGCCCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGCCAGATTG-----
DR17006	GAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCCAG-----CGGACCC
DR13006	GCAACCTGACGACACTGGCGTGTACTACTGTGCGGCC-----CAA
DR02006	GAAACCCGGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGGGGCAGT-----
 DR01006	-----A-AC---CTGGGGGTTATTGTGGGT-----
DR27006	-----GTAC---CCGTGCCATCTCCTTGATG-----
DR03006	ACTTGGGACCT-----GGCG-CCATT-----CTTGATTG
DR11006	AGATGGGGGCTTGTGATGCGAGATGGGCACCTTAGC---GACAAGGAC-G
DR24006	AGATGGGGGCTTGTGATGCGAGATGGGCACCTTAGC---GACAAGGAC-G
DR16006	GCGTTTTT-CTAGTCTGTGGGACACTTC-TAGAC---TCGAAAGTAG
DR19006	TAGTTTTTACTGGTACT-----GCAC-----C---ACG-----G
DR07006	GGTGGTAGTTGTGATTGC---CTTTGC-----TATTGACTA-----
DR16006	TGTTACATGCCGACTATGC---CCGCTCCCCGATACGAGACAGTTTGG
DR20006	AGTGGTATGGGTGCAATT-----AAGGACTACTTTACT-----C-----G
DP25006	GGAAAGGAAG---GGGAAATCGGGTAC---CCTGGTCGGTCCAATGTGAA
DP20006	GGTTGAA-----TATC---CTATTGCAGAC---ATGTGTT
DR21006	--TGGTGGCTGGTATT-----TGGACCCGAATTACTGG-CTCTCTGTG
DR09006	--GAAATACTGGA---CTTGTGGTGC---CCAGA-CTGG-----AG
DP17006	AAAGTATATATTATAGTATC-----CTCCNNAT-----
DR13006	AAGAAGGATCGTA---CTAGATGGC---CGAGCCT-----
DR02006	-----CTCCCTAA---TGGACCGAATTTC
 DR01006	--TGGGTANTGCCCTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR27006	--T-----CTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR03006	AAAAAGTATAAGTACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR11006	TTTGCATATAACTACTGGGGCCGGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR24006	TTTGCATATAACTACTGGGGCCGGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR16006	CGA-CT-ATAACTATTGGGGCCAGGGGATCCAGGTCAACCGTACCTCACT
DR19006	CGC-CTTATAACGTCTGGGTCAAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR07006	CTGGG-----GCCAGGGCACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR16006	CTGGGATGATTTT-----GGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR20006	CTGGG-----GCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR25006	GATGGTTATAACTATTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCAC-
DR20006	CGAGAT---ACG---GCGACCCGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCAC-
DR21006	GGTGCATATGCCATCTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCAC-
DR09006	GATACTCGGACAG-TGGGGTCAGGGGCCAGGTCAACCGTCTCCTCACT
DR17006	--TGAGTATAAGTACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCAACCGTCTCCTCA--

FIGURA 7(3)

ES 2 325 541 T3

DR13006	CGAGAATGGAACAACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTACCGTCTCCTCA--
DR02006	CCAACATGGG--TGCCGGGCCAGGGAACCCAGGTACCGTCTCCT---
DR01006	AG----TTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR27006	AG----TTACCCGTACGAGCTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR03006	AGCTAGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR11006	AG----TTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR24006	AGCTAGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR16006	----AGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR19006	----AGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR07006	----AGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR16006	----AGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR20006	----AGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR25006	---TAGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR20006	---TAGTTACCCGTACGACGAACCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR21006	---TAGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR090J6	AGCTAGTTACCCGTACGACGTTCCGGACTACGGTTCTTAATAGAATTTC
DR17006	-----
DR13006	-----
DR02006	-----TA

FIGURA 7(4)

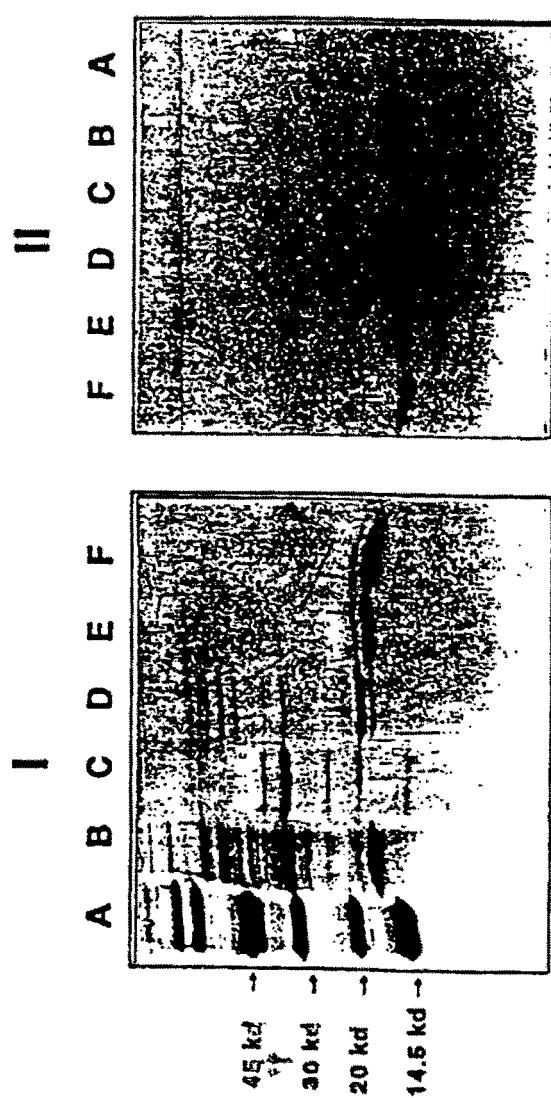


FIGURA 8

ES 2 325 541 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Vrije Universiteit Brussel

5 <120> Inmunoglobulinas desprovistas de cadenas ligeras

<150> EP 00127968.6

10 <151> 20-DEC-2000

<150> EP 93919098.9

<151> 18-AGOSTO-93

15 <150> PCT/EP 93/02214

<151> 18-AGOSTO-93

20 <150> EP 92402326.0

<151> 21-AGOSTO-1992

<150> EP 93401310.3

25 <151> 21-MAYO-1993

<160> 131

30 <170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 22

35 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

40 <222> 1..22

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

<400> 1

45 Gly Gly Ser Val Gln Thr Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Glu Ile
 1 5 10 15
 Ser Gly Leu Thr Phe Asp
 20

50 <210> 2

<211> 22

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

55 <220>

<221> Dominio

<222> 1..22

60 <223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

<400> 2

65 Gly Gly Ser Val Gln Thr Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val
 1 5 10 15
 Ser Gly Phe Ser Phe Ser
 20

ES 2 325 541 T3

<210> 3
<211> 22
<212> PRT
5 <213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Dominio
10 <222> 1..22
<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

<400> 3

15 Gly Gly Ser Glu Gln Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ile
 1 5 10 15
 Ser Gly Tyr Thr Tyr Gly
 20

20 <210> 4
<211> 22
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
25 <220>
<221> Dominio
<222> 1..22
<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

<400> 4

35 Gly Gly Ser Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Thr Leu Ser Cys Thr Val
 1 5 10 15
 Ser Gly Ala Thr Tyr Ser
 20

40 <210> 5
<211> 22
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
45 <220>
<221> Dominio
<222> 1..22
<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

50 <400> 5

55 Gly Gly Ser Val Gln Ala Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Gly
 1 5 10 15
 Ser Gly Phe Pro Tyr Ser
 20

60 <210> 6
<211> 21
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
<220>
65 <221> Dominio
<222> 1..21
<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

ES 2 325 541 T3

<400> 6

Gly	Gly	Ser	Val	Gln	Ala	Gly	Gly	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Val	Ala
1									10						15
	Gly	Phe	Gly	Thr	Ser										
5						20									

<210> 7

<211> 21

10 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

15 <221> Dominio

<222> 1..21

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

<400> 7

20

Gly	Gly	Ser	Val	Gln	Ala	Gly	Gly	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Val	Ser
1									10						15
	Phe	Ser	Pro	Ser	Ser										
						20									

25

<210> 8

<211> 11

<212> PRT

30

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

<222> 1..11

35

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

<400> 8

40

Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Gln	Val	Thr	Val	Ser	Ser
1									10	

<210> 9

45

<211> 11

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

50

<221> Dominio

<222> 1..11

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

55

<400> 9

Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser
1									10	

60

<210> 10

<211> 11

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

65

<220>

<221> Dominio

ES 2 325 541 T3

<222> 1..11

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

5 <400> 10

Trp Gly Gln Gly Ala Gln Val Thr Val Ser Ser
1 5 10

10 <210> 11

<211> 11

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

15 <220>

<221> Dominio

<222> 1..11

20 <223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

<400> 11

Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Ala Ser Ser
1 5 10

25 <210> 12

<211> 11

<212> PRT

30 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

35 <222> 1..11

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

<400> 12

40 Arg Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Leu
1 5 10

<210> 13

<211> 25

45 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

50 <221> Dominio

<222> 1..14

<223> /etiqueta= CDR3

55 <400> 13

Ala Leu Gln Pro Gly Gly Tyr Cys Gly Tyr Gly Xaa Cys Leu Trp Gly
1 5 10 15
Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
20 25

60

<210> 14

<211> 23

<212> PRT

65 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

ES 2 325 541 T3

<221> Dominio

<222> 1..12

<223> /etiqueta= CDR3

5

<400> 14

Val Ser Leu Met Asp Arg Ile Ser Gln His Gly Cys Arg Gly Gln Gly
1 5 10 15
10 Thr Gln Val Thr Val Ser Leu
20

<210> 15

<211> 29

15 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

20 <221> Dominio

<222> 1..18

<223> /etiqueta= CDR3

25 <400> 15

Val Pro Ala His Leu Gly Pro Gly Ala Ile Leu Asp Leu Lys Lys Tyr
1 5 10 15
30 Lys Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
20 25

<210> 16

<211> 26

35 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

40 <222> 1..15

<223> /etiqueta= CDR3

<400> 16

45 Phe Cys Tyr Ser Thr Ala Gly Asp Gly Gly Ser Gly Glu Met Tyr Trp
1 5 10 15
Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
20 25

50 <210> 17

<211> 26

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

55 <220>

<221> Dominio

<222> 1..15

60 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 17

65 Glu Leu Ser Gly Gly Ser Cys Glu Leu Pro Leu Leu Phe Asp Tyr Trp
1 5 10 15
Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
20 25

ES 2 325 541 T3

<210> 18
<211> 28
<212> PRT
5 <213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Dominio
10 <222> 1..17
<223> /etiqueta= CDR3

<400> 18

15 **Asp Trp Lys Tyr Trp Thr Cys Gly Ala Gln Thr Gly Gly Tyr Phe Gly**
 1 5 10 15
 Gln Trp Gly Gln Gly Ala Gln Val Thr Val Ser Ser
 20 25

20 <210> 19
<211> 35
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
25 <220>
<221> Dominio
<222> 1..24
<223> /etiqueta= CDR3
30 <400> 19

35 **Arg Leu Thr Glu Met Gly Ala Cys Asp Ala Arg Trp Ala Thr Leu Ala**
 1 5 10 15
 Thr Arg Thr Phe Ala Tyr Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr
 20 25 30
 Val Ser Ser
 35

40 <210> 20
<211> 27
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
45 <220>
<221> Dominio
<222> 1..16
<223> /etiqueta= CDR3
50 <400> 20

55 **Gln Lys Lys Asp Arg Thr Arg Trp Ala Glu Pro Arg Glu Trp Asn Asn**
 1 5 10 15
 Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Ala Ser Ser
 20 25

60 <210> 21
<211> 32
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
<220>
65 <221> Dominio
<222> 1..21
<223> /etiqueta= CDR3

ES 2 325 541 T3

<400> 21

Gly Ser Arg Phe Ser Ser Pro Val Gly Ser Thr Ser Arg Leu Glu Ser				
1	5	10	15	
Ser Asp Tyr Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Ala Ser Ser				
20	25		30	

<210> 22

<211> 27

10 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

15 <221> Dominio

<222> 1..16

<223> /etiqueta= CDR3

20 <400> 22

Ala Asp Pro Ser Ile Tyr Tyr Ser Ile Leu Xaa Ile Glu Tyr Lys Tyr				
1	5	10	15	
Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser				
20	25			

25

<210> 23

<211> 33

<212> PRT

30 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

35 <222> 1..22

<223> /etiqueta= CDR3

<400> 23

Asp Ser Pro Cys Tyr Met Pro Thr Met Pro Ala Pro Pro Ile Arg Asp				
1	5	10	15	
Ser Phe Gly Trp Asp Asp Phe Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser				
20	25		30	
Ser				

45 <210> 24

<211> 26

<212> PRT

50 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

<222> 1..15

55 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 24

Thr Ser Ser Phe Tyr Trp Tyr Cys Thr Thr Ala Pro Tyr Asn Val Trp				
1	5	10	15	
Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser				
20	25			

<210> 25

65 <211> 27

<212> PRT

ES 2 325 541 T3

<213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Dominio
5 <222> 1..16
<223> /etiqueta= CDR3

<400> 25
10 Thr Glu Ile Glu Trp Tyr Gly Cys Asn Leu Arg Thr Thr Phe Thr Arg
 1 5 10 15
 Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
 20 25

15 <210> 26
<211> 33
<212> PRT
20 <213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Dominio
<222> 1..22
25 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 26
30 Asn Gln Leu Ala Gly Gly Trp Tyr Leu Asp Pro Asn Tyr Trp Leu Ser
 1 5 10 15
 Val Gly Ala Tyr Ala Ile Trp Gly Gln Gly Thr His Val Thr Val Ser
 20 25 30
 Ser

35 <210> 27
<211> 35
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
40 <220>
<221> Dominio
<222> 1..24
<223> /etiqueta= CDR3
45 <400> 27
50 Arg Leu Thr Glu Met Gly Ala Cys Asp Ala Arg Trp Ala Thr Leu Ala
 1 5 10 15
 Thr Arg Thr Phe Ala Tyr Asn Tyr Trp Gly Arg Gly Thr Gln Val Thr
 20 25 30
 Val Ser Ser
 35

55 <210> 28
<211> 35
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
60 <220>
<221> Dominio
<222> 1..24
<223> /etiqueta= CDR3
65

ES 2 325 541 T3

<400> 28

Asp	Gly	Trp	Thr	Arg	Lys	Glu	Gly	Gly	Ile	Gly	Leu	Pro	Trp	Ser	Val	
1				5					10					15		
	Gln	Cys	Glu	Asp	Gly	Tyr	Asn	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Gln	Val	Thr
5				20					25					30		
	Val	Ser	Ser													
			35													

<210> 29

10 <211> 21

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

15 <220>

<221> Dominio

<222> 1..10

<223> /etiqueta= CDR3

20 <400> 29

<210> 30

25 <211> 23

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

30 <221> Dominio

<222> 1..12

<223> /etiqueta= CDR3

35 <400> 30

<210> 31

40 <211> 27

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

45 <221> Dominio

<222> 1..27

<223> /etiqueta= CH2

<400> 31

50 <210> 32

<211> 27

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

55 <221> Dominio

<222> 1..27

<223> /etiqueta= CH2

<400> 31

60 <210> 32

<211> 27

<212> PRT

Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Thr	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Lys
1				5					10					15	
	Pro	Lys	Asp	Val	Leu	Ser	Ile	Thr	Leu	Thr	Pro				
				20					25						

ES 2 325 541 T3

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

5 <222> 1..27

<223> /etiqueta= CH2

<400> 32

10 **Ala Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Thr Lys**
 1 5 10 15
 Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro
 20 25

15 <210> 33

<211> 27

<212> PRT

20 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

<222> 1..27

25 <223> /etiqueta= CH2

<400> 33

30 **Ala Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Pro Lys**
 1 5 10 15
 Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro
 20 25

<210> 34

35 <211> 27

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

40 <221> Dominio

<222> 1..27

<223> /etiqueta= CH2

45 <400> 34

50 **Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys**
 1 5 10 15
 Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro
 20 25

<210> 35

<211> 12

55 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

60 <222> 1..12

<223> /etiqueta= CH3

<400> 35

65 **Gly Gln Thr Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Ala**
 1 5 10

ES 2 325 541 T3

<210> 36
<211> 18
<212> PRT
5 <213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Dominio
10 <222> 1..18
<223> /etiqueta= CH3

<400> 36

15 Gly Gln Thr Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Ala Pro Xaa Arg Leu
 1 5 10 15
 Glu Leu

<210> 37
20 <211> 12
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
25 <220>
<221> Región
<222> 1..12
<223> /etiqueta= bisagra
30 <400> 37

 Gly Thr Asn Glu Val Cys Lys Cys Pro Lys Cys Pro
 1 5 10

35 <210> 38
<211> 35
<212> PRT
40 <213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Región
<222> 1..35
45 <223> /etiqueta= bisagra

<400> 38

50 Glu Pro Lys Ile Pro Gln Pro Gln Pro Lys Pro Gln Pro Gln Pro Gln
 1 5 10 15
 Pro Gln Pro Lys Pro Gln Pro Lys Pro Glu Pro Glu Cys Thr Cys Pro
 20 25 30
 Lys Cys Pro
 35
55 <210> 39
<211> 28
<212> PRT
60 <213> *Camelus dromaderius*
<220>
<221> Dominio
<222> 1..28
65 <223> /etiqueta= CH2

ES 2 325 541 T3

<400> 39

Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Pro Lys			
1	5	10	15
Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Xaa Pro Lys			
5	20	25	

<210> 40

<211> 28

10 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

15 <221> Dominio

<222> 1..28

<223> /etiqueta= CH2

20 <400> 40

Ala Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Thr Lys			
1	5	10	15
Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro Lys			
20	25		

25 <210> 41

<211> 28

<212> PRT

30 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

<222> 1..28

35 <223> /etiqueta= CH2

<400> 41

Ala Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Pro Lys			
1	5	10	15
Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro Lys			
40	20	25	

45 <210> 42

<211> 28

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

50 <220>

<221> Dominio

<222> 1..28

<223> /etiqueta= CH2

55 <400> 42

Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys			
1	5	10	15
Pro Lys Asp Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro Lys			
60	20	25	

<210> 43

<211> 31

65 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

ES 2 325 541 T3

<400> 43

	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Thr	Asn	Glu	Val	Cys	Lys	Cys	Pro	Lys	Cys
5	1									10					15	
	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Pro	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Val	Phe	Pro	
										25					30	

<210> 44

<211> 54

10 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

15 <221> Región

<222> 1..54

<223> /etiqueta= bisagra

20 <400> 44

	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Glu	Pro	Lys	Ile	Pro	Gln	Pro	Gln	Pro	Lys	Pro
25	1								10					15		
	Gln	Pro	Gln	Pro	Gln	Pro	Gln	Pro	Lys	Pro	Gln	Pro	Lys	Pro	Glu	Pro
									20		25		30			
	Glu	Cys	Thr	Cys	Pro	Lys	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro
									35		40		45			
	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro										
						50										

30 <210> 45

<211> 14

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

35 <220>

<221> Región

<222> 1..14

40 <223> /etiqueta= bisagra

<220>

<221> Dominio

<222> 1..14

45 <223> /etiqueta= CH2

<400> 45

	Ala	Pro	Glu	Leu	Pro	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Val	Phe	Pro
50	1									10				

<210> 46

<211> 14

55 <212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Dominio

60 <222> 1..14

<223> /etiqueta= CH2

<400> 46

	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro
65	1									10				

ES 2 325 541 T3

<210> 47
<211> 21
<212> ADN
5 <213> secuencia artificial
<223> Descripción de la secuencia artificial: oligonucleótido

<400> 47
10 cgccatcaag gtaacagttg a 21

 <210> 48
 <211> 22
15 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 <223> Descripción de la secuencia artificial: oligonucleótido

20 <220>
 <221> característica_misc
 <222> 12..17
 <223> /etiqueta= sitio Xhol
25 /nota= "Sitio de restricción"

 <400> 48
 aggtccagct gtcgagtc gg 22

30 <210> 49
 <211> 22
 <212> ADN
35 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: oligonucleótido
 <220>

40 <221> característica_misc
 <222> 12..17
 <223> /etiqueta= sitio Xhol
45 /nota= "Sitio de restricción"

 <400> 49
 agtcggatc gtcgagtc gg 22

50 <210> 50
 <211> 22
 <212> ADN
55 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: oligonucleótido
 <220>

60 <221> característica_misc
 <222> 12..17
 <223> /etiqueta= sitio Xhol
65 /nota= "Sitio de restricción"

ES 2 325 541 T3

<400> 50
aggtccagct tctcgagtct gg 22

5 <210> 51
<211> 28
<212> ADN
<213> secuencia artificial

10 <220>
<223> Descripción de la Secuencia artificial: oligonucleótido

<400> 51
15 tcttaactag tgaggagacg gtgacctg 28

<210> 52
<211> 30
20 <212> ADN
<213> secuencia artificial
<220>

25 <223> Descripción de la secuencia artificial: oligonucleótido
<220>
<221> característica_misc
<222> 1..5

30 <223> /etiqueta= SpeI

<400> 52
35 ctagtgcacc accatcacca tcactaatag 30

<210> 53
<211> 30
40 <212> ADN
<213> secuencia artificial
<220>

<223> Descripción de la secuencia artificial: oligonucleótido

45 <221> característica_misc
<222> 1..30
<223> /nota= “Secuencia complementaria a SEQ ID NO: 52”
<220>

50 <221> característica_misc
<222> 26..30
<223> /etiqueta= EcoRI

55 <400> 53
acgtgggtt agtggtagtg attatcttaa 30

<210> 54
60 <211> 43
<212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*

65 <220>
<221> Dominio
<222> 1..25

ES 2 325 541 T3

<223> /etiqueta= CH2
<220>
<221> Dominio
5 <222> 26..43
<223> /etiqueta= CH3

<400> 54

10 Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
 1 5 10 15
 Val Leu Ser Ile Xaa Gly Xaa Pro Lys Gly Gln Thr Arg Glu Pro Gln
 20 25 30
 Val Tyr Thr Leu Ala Pro Xaa Arg Leu Glu Leu
 15 35 40

<210> 55
<211> 24
20 <212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*
<220>
<221> Dominio
25 <222> 1..24
<223> /etiqueta= CH2
/nota= "Clon #72/1"

30 <400> 55

35 Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Thr Lys Pro Lys Asp
 1 5 10 15
 Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro
 20

<210> 56
<211> 24
40 <212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*
<220>
<221> Dominio
45 <222> 1..24
<223> /etiqueta= CH2

<400> 56

50 Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Val Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
 1 5 10 15
 Val Leu Ser Ile Ser Gly Arg Pro
 20

55 <210> 57
<211> 24
<212> PRT
60 <213> *Camelus dromedarius*
<220>
<221> Dominio
<222> 1..24
65 <223> /etiqueta= CH2

ES 2 325 541 T3

<400> 57

Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp
1						5			10				15		
5	Val	Leu	Ser	Ile	Ser	Gly	Arg	Pro							
						20									

<210> 58

<211> 30

10 <212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<220>

15 <221> Dominio

<222> 1..30

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 1

20 <400> 58

Asp	Val	Gln	Leu	Val	Ala	Ser	Gly	Gly	Ser	Val	Gly	Ala	Gly	Gly
1				5					10			15		
Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Thr	Ala	Ser	Gly	Asp	Ser	Phe	Ser	
					20			25				30		

25

<210> 59

<211> 11

<212> PRT

30 <213> *Camelus dromedarius*

<220>

<221> Dominio

35 <222> 1..11

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

<400> 59

40 Trp Gly Arg Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
1 5 10

<210> 60

<211> 11

45 <212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<220>

50 <221> Dominio

<222> 1..11

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

55 <400> 60

Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	His	Val	Thr	Val	Ser	Ser
1				5				10		

60 <210> 61

<211> 11

<212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

65 <220>

<221> Dominio

<222> 1..11

ES 2 325 541 T3

<223> /etiqueta= ENTRAMADO 4

<400> 61

5 Trp Gly Gln Gly Ile Gln Val Thr Ala Ser Ser
 1 5 10

<210> 62

10 <211> 14

<212> PRT

<213> *Camelus dromaderius*

<220>

15 <221> Región

<222> 1..14

<223> /etiqueta= VH

<220>

20 <221> Dominio

<222> 1..14

<223> /etiqueta= CDR3

25 <400> 62

Ala Leu Gln Pro Gly Gly Tyr Cys Gly Tyr Gly Xaa Cys Leu
1 5 10

30 <210> 63

<211> 12

<212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

35 <220>

<221> Región

<222> 1..12

40 <223> /etiqueta= VH

<220>

<221> Dominio

<222> 1..12

45 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 63

50 Val Ser Leu Met Asp Arg Ile Ser Gln His Gly Cys
 1 5 10

<210> 64

<211> 18

55 <212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<220>

60 <221> Región

<222> 1..18

<223> /etiqueta= VH

<220>

65 <221> Dominio

<222> 1..18

<223> /etiqueta= CDR3

ES 2 325 541 T3

<400> 64

Val Pro Ala His Leu Gly Pro Gly Ala Ile Leu Asp Leu Lys Lys Tyr
1 5 10 15
Lys Tyr

5

<210> 65

<211> 15

10 <212> PRT

<213> *Camelus bactrianus*

<220>

<221> Región

15 <222> 1..15

<223> /etiqueta= VH

<220>

20 <221> Dominio

<222> 1..15

<223> /etiqueta= CDR3

25 <400> 65

Phe Cys Tyr Ser Thr Ala Gly Asp Gly Gly Ser Gly Glu Met Tyr
1 5 10 15

<210> 66

30 <211> 15

<212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<220>

35 <221> Región

<222> 1..15

<223> /etiqueta= VH

40 <220>

<221> Dominio

<222> 1..15

<223> /etiqueta= CDR3

45

<400> 66

Glu Leu Ser Gly Gly Ser Cys Glu Leu Pro Leu Leu Phe Asp Tyr
1 5 10 15

50

<210> 67

<211> 17

<212> PRT

55 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Región

60 <222> 1..17

<223> /etiqueta= VH

<220>

<221> Dominio

65 <222> 1..17

<223> /etiqueta= CDR3

ES 2 325 541 T3

<400> 67

Asp Trp Lys Tyr Trp Thr Cys Gly Ala Gln Thr Gly Gly Tyr Phe Gly
1 5 10 15
Gln

5 <210> 68

<211> 24

<212> PRT

10 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> Región

<222> 1..24

15 <223> /etiqueta= VH

<220>

<221> Dominio

20 <222> 1..24

<223> /etiqueta= CDR3

<400> 68

25 Arg Leu Thr Glu Met Gly Ala Cys Asp Ala Arg Trp Ala Thr Leu Ala
1 5 10 15
Thr Arg Thr Phe Ala Tyr Asn Tyr
20

30 <210> 69

<211> 16

<212> PRT

35 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> fuente

<223> /nota="synthetic construct"

40 <220>

<221> Región

<222> 1..16

<223> /etiqueta= VH

45 <220>

<221> Dominio

<222> 1..16

50 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 69

55 Gln Lys Lys Asp Arg Thr Arg Trp Ala Glu Pro Arg Glu Trp Asn Asn
1 5 10 15

<210> 70

<211> 21

<212> PRT

60 <213> *Camelus dromaderius*

<220>

<221> fuente

65 <223> /nota="synthetic construct"

<220>

<221> Región

ES 2 325 541 T3

<222> 1..21
<223> /etiqueta= VH
<220>
5 <221> Dominio
<222> 1..21
<223> /etiqueta= CDR3

10 <400> 70
Gly Ser Arg Phe Ser Ser Pro Val Gly Ser Thr Ser Arg Leu Glu Ser
1 5 10 15

15 **Ser Asp Tyr Asn Tyr**
 20

<210> 71
<211> 16
20 <212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
<220>
25 <221> Región
<222> 1..16
<223> /etiqueta= VH
<220>
30 <221> Dominio
<222> 1..16
<223> /etiqueta= CDR3

35 <400> 71
Ala Asp Pro Ser Ile Tyr Tyr Ser Ile Leu Xaa Ile Glu Tyr Lys Tyr
1 5 10 15

40 <210> 72
<211> 22
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
45 <220>
<221> Región
<222> 1..22
<223> /etiqueta= VH
<220>
50 <221> Dominio
<222> 1..22
55 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 72
Asp Ser Pro Cys Tyr Met Pro Thr Met Pro Ala Pro Pro Ile Arg Asp
1 5 10 15

60 **Ser Phe Gly Trp Asp Asp**
 20

<210> 73
65 <211> 15
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*

ES 2 325 541 T3

<220>
<221> Región
<222> 1..15
5 <223> /etiqueta= VH
<220>
<221> Dominio
10 <222> 1..15
<223> /etiqueta= CDR3

<400> 73

15 **Thr Ser Ser Phe Tyr Trp Tyr Cys Thr Thr Ala Pro Tyr Asn Val**
 1 5 10 15

<210> 74
<211> 16
20 <212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
<220>
25 <221> Región
<222> 1..16
<223> /etiqueta= VH
<220>
30 <221> Dominio
<222> 1..16
<223> /etiqueta= CDR3

35 <400> 74

Thr Glu Ile Glu Trp Tyr Gly Cys Asn Leu Arg Thr Thr Phe Thr Arg
 1 5 10 15

40 <210> 75
<211> 22
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
45 <220>
<221> Región
<222> 1..22
50 <223> /etiqueta= VH
<220>
<221> Dominio
<222> 1..22
55 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 75

60 **Asn Gln Leu Ala Gly Gly Trp Tyr Leu Asp Pro Asn Tyr Trp Leu Ser**
 1 5 10 15
 Val Gly Ala Tyr Ala Ile
 20

<210> 76
65 <211> 24
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*

ES 2 325 541 T3

<220>
<221> Región
<222> 1..24
5 <223> /etiqueta= VH
<220>
<221> Dominio
10 <222> 1..24
<223> /etiqueta= CDR3

<400> 76

15 **Arg Leu Thr Glu Met Gly Ala Cys Asp Ala Arg Trp Ala Thr Leu Ala**
 1 5 10 15
 Thr Arg Thr Phe Ala Tyr Asn Tyr
 20

20 <210> 77
<211> 24
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*

25 <220>
<221> Región
<222> 1..24
<223> /etiqueta= VH

30 <220>
<221> Dominio
<222> 1..24
35 <223> /etiqueta= CDR3

<400> 77

40 **Asp Gly Trp Thr Arg Lys Glu Gly Gly Ile Gly Leu Pro Trp Ser Val**
 1 5 10 15
 Gln Cys Glu Asp Gly Tyr Asn Tyr
 20

45 <210> 78
<211> 10
<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*

50 <220>
<221> Región
<222> 1..10
<223> /etiqueta= VH

55 <220>
<221> Dominio
<222> 1..10
<223> /etiqueta= CDR3

60 <400> 78

65 **Asp Ser Tyr Pro Cys His Leu Leu Asp Val**
 1 5 10

<210> 79
<211> 12

ES 2 325 541 T3

<212> PRT
<213> *Camelus dromaderius*
<220>
5 <221> Región
<222> 1..12
<223> /etiqueta= VH
10 <220>
<221> Dominio
<222> 1..12
<223> /etiqueta= CDR3
15 <400> 79
 Val Glu Tyr Pro Ile Ala Asp Met Cys Ser Arg Tyr
 1 5 10
20 <210> 80
<211> 26
<212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*
25 <400> 80
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1 5 10 15
30 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly
 20 25
 <210> 81
35 <211> 14
<212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*
40 <400> 81
 Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser
 1 5 10
45 <210> 82
<211> 32
<212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*
50 <400> 82
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln
 1 5 10 15
55 Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
 20 25 30
 <210> 83
<211> 37
60 <212> PRT
<213> *Camelus dromedarius*

ES 2 325 541 T3

<400> 83

	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Thr	Asn	Glu	Val
1					5				10				15			
5	Cys	Lys	Cys	Pro	Lys	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Pro	Gly	Gly	Pro	Ser
					20				25				30			
	Val	Phe	Val	Phe	Pro											
					35											

<210> 84

10 <211> 18

<212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

15 <400> 84

	Gly	Gly	Ser	Val	Gln	Gly	Gly	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ile	
1					5				10				15			
20	Ser	Gly														

<210> 85

<211> 14

<212> PRT

25 <213> *Camelus dromedarius*

<400> 85

	Trp	Phe	Arg	Glu	Gly	Pro	Gly	Lys	Glu	Arg	Glu	Gly	Ile	Ala	
30					1				5				10		

<210> 86

<211> 32

35 <212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<400> 86

	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Gln	Asp	Ser	Thr	Leu	Lys	Thr	Met	Tyr	Leu	Leu
40										1	5		10		15	
	Met	Asn	Asn	Leu	Lys	Pro	Glu	Asp	Thr	Gly	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Ala	Ala

45

20

25

30

<210> 87

<211> 60

50 <212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<400> 87

	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Gln	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Glu	Pro	Lys	Ile	Pro		
55						1	5		10		15	15	Gln	Pro	Gln	Pro		
	Lys	Pro	Gln	Pro	Gln	Pro	Gln	Pro	Gln	Pro	Lys	Pro						
						20	25		30									
	Gln	Pro	Lys	Pro	Glu	Pro	Glu	Cys	Thr	Cys	Pro	Lys	Cys	Pro	Ala	Pro		
	60	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro					45	Glu	Leu	Leu	Gly
						50	55		60									

<210> 88

65 <211> 18

<212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

ES 2 325 541 T3

<400> 88

Gly	Gly	Ser	Val	Gln	Ala	Gly	Gly	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ser
1				5					10				15		
Ser Ser															

5

<210> 89

<211> 14

<212> PRT

10 <213> *Camelus dromedarius*

<400> 89

Trp	Tyr	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Glu	Arg	Glu	Phe	Val	Ser
1				5				10					

15

<210> 90

<211> 32

20 <212> PRT

<213> *Camelus dromedarius*

<400> 90

25

Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Gln	Asp	Ser	Ala	Lys	Asn	Thr	Val	Tyr	Leu	Gln
1				5				10				15			
Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys Lys Ile															
				20				25				30			

30

<210> 91

<211> 37

<212> PRT

35 <213> *Camelus dromedarius*

<400> 91

40

Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Gln	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Thr	Asn	Glu	Val
1				5				10				15			
Cys Lys Cys Pro Lys Cys Pro Ala Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser															
				20				25				30			
Val Phe Val Phe Pro															
				35											

45

<210> 92

<211> 400

<212> ADN

50

<213> *Camelus dromaderius*

<400> 92

55

ctcgagtctg	ggggaggatc	ggtgcaggct	ggagggtctc	tgagactctc	gtgcgcagcc	60
tctggataca	gtaattgtcc	cctcaattgg	agctggatc	gccagttcc	aggaacggag	120
cgcgagttcg	tctccagtat	ggatccggat	gaaatacca	agtacacata	ctccgtgaag	180
ggccgcttca	ccatgtcccc	aggcagcacc	gagtacacag	tatttctgca	aatggacaat	240
ctgaaaacctg	aggacacggc	gatgttattac	tgtaaaaacag	ccctacaacc	tgggggttat	300
tgtgggtatg	ggtantgcct	ctggggccag	gggacccagg	tcaccgtctc	ctcactagtt	360
acccgtacga	cgttccggac	tacggttctt	aatagaattc			400

60

<210> 93

<211> 391

<212> ADN

65

<213> *Camelus dromaderius*

ES 2 325 541 T3

<400> 93

```

5      ctcgagtctg ggggaggcgc ggtgcaggct ggagggtctc tgagactctc ctgtgcattc 60
       tcttctaaat atatgccttg cacctacgac atgaccttgtt accggccaggc tccaggcaag 120
       gagcgcaat ttgtctcaag tataaatatt gatggtaaga caacatacgc agactccgtg 180
       aaggggccat tcaccatctc ccaagacagc gccaagaaca cggtgtatct gcagatgaac 240
       agccctgaaac ctgaggacac ggcgatgtat tactgtaaaa tagattcgta cccgtgccat 300
       ctcccttgatg tctggggcca ggggaccctag gtcaccgtct cctcactagt taccctgtac 360
       agcttccgga ctacggttct taatagaatt c                                         391

```

10 <210> 94

<211> 443

<212> ADN

15 <213> *Camelus dromaderius*

<400> 94

```

20      caggtgaaac tgctcgagtc tggaggaggc tcgggtcaga ctggaggatc tctgagactc 60
       tcctgtcgag tctctggatt ctcccttagt accagttgtt tggcctgggtt ccggccaggct 120
       tcaggaaagc aegctgaggg ggtcgccagcc attaataatgtt ggggtgttag gacataactac 180
       aacacatatg tcgcccggatc cgtgaaggcc cgattcgcca tctcccaaga caacgccaag 240
       accacggat atcttgatata gaacaaccta accccctgaag acacggctac gtattactgt 300
       gccggcggtcc cagcccaattt gggacctggc gccattttt atttaaaaaa gtataagtac 360
       tggggccagg ggaccctagg caccgtctcc tcaactagta gttacccgta cgacgttccg 420
       gactacgggtt cttatagaa ttc                                         443

```

<210> 95

<211> 433

30 <212> ADN

<213> *Camelus dromaderius*

<400> 95

```

35      ctcgagtctg ggggaggcgc ggtgcaggct ggagggtctc tgagactctc ctgtaatgtc 60
       tctggctctc ccagtatgtt tattgcctg ggctggttcc gccaggctcc agggaggagg 120
       cgtgagggggg tcacagcgat taacactgtt ggcagtatca tatacgcagc cgactccgtg 180
       aaggggccat tcaccatctc ccaagacacc gccaaggaaa cggtacatct ccagatgaac 240
       aacctgcaac ctgaggatata gggccacctat tactgcgcgg caagactgac ggagatgggg 300
       gcttgtatg cgagatgggc gaccttagcg acaaggacgt ttgcgtataa ctactggggc 360
       cggggggaccc aggttccatc ttccctacta gttacccgta cgacgttccg gactacgggtt 420
       cttatagaa ttc                                         433

```

45 <210> 96

<211> 449

<212> ADN

<213> *Camelus dromaderius*

50 <400> 96

```

55      caggtgaaac tgctcgagtc tgggggaggc tcgggtcagg ctggagggtc tctgagactc 60
       tcctgtatg tctctggctc tcccaatgtt acttattgtt tgggctgggtt ccggccaggct 120
       ccaggaaagg agcgtgaggg ggtcacagcg attaactatgtt atggcgttgtt catatacgc 180
       gccgactccg tgaaggcccg attcaccatc tcccaagaca ccgcacaa aacggatata 240
       ctccagatgtt acaacccgtca acctgaggat acggccacctt attactgcgc ggcaagactg 300
       acggagatgg gggcttgcgttgc tgcgagatgg ggcacccgtt ccacaggac gtttgcgtat 360
       aactactggg gccggggac ccagggttccatc gtctcttccat tagcttagtta cccgtacgac 420
       gttccggact acgggttccatc atagaattc                                         449

```

60 <210> 97

<211> 424

<212> ADN

65 <213> *Camelus dromaderius*

ES 2 325 541 T3

<400> 97

```

5      ctcgagtctg gaggaggctc ggcgcaggct ggaggatctc tgagactctc ctgtgcagcc 60
      cacggattc cgctcaatgg ttactacatc gcctggttcc gtcaggctcc tggaaagggg 120
      cgtgaggggg tcgcaacaat taatggtggt cgcgacgtca catactacgc cgactccgtg 180
      acgggcccgtt accatctc ccgagacagc cccaagaata cggtgtatct gcagatgaac 240
      agctgaaaac ctgaggacac ggcctactac ttctgtgcag caggctcgcg tttttctagt 300
      cctgttggga gcacttctag actcgaaagt agcgactata actattgggg ccaggggatc 360
      caggtaaccg tcacactact agttaccctgt acgacgttcc ggactacggt tcttaataga 420
      attc                                         424

```

10

<210> 98

<211> 415

<212> ADN

15

<213> *Camelus dromaderius*

<400> 98

```

20     ctcgagtctg gaggaggctc ggttcaggct ggagggtccc ttagactctc ctgtgcagcc 60
      tctgactaca ccatcaactga ttatttgcatttgcgttcc gccaggctcc agggaaaggag 120
      cgtgaaattgg tcgcagcgat tcaagggtgtc cgtatgtata ctgcgcctcac agactacgcc 180
      gactccgtga agggacgatt caccatctcc caaggcaaca ccaagaacac agtgaatctg 240
      caaatgaaca gcctgacacc tgaggacacg gccatctaca gttgtgcggc aaccagtagt 300
      tttactggt actgcacccac ggcgccttat aacgtctggg gtcaggggac ccaggtcacc 360
      25      gtctcctcac tagttaccctgt tacgacgttcc cggactacgg ttcttaatag aattc 415

```

25

<210> 99

<211> 406

30

<212> ADN

<213> *Camelus dromaderius*

<400> 99

```

35     ctcgagtctg ggggaggctc ggtgcagggt ggagggtctc tgagactctc ctgtgcaatc 60
      tctggataca cgtacggtag cttctgtatg ggctggttcc gcgagggtcc agggaaaggaa 120
      cgtgaggggg tcgcaactat tcttaatggt ggtactaaca catactatgc cgactccgtg 180
      aaggggccgtt accatctc ccaagacagc acgttgaaga cgatgtatct gctaataac 240
      aacctgaaaac ctgaaagacac gggcacctat tactgtgtc cagaactaag tgggttagt 300
      40      tgtgaaattgc ctttgcattt tgactactgg ggcgcaggca cccaggtcac ctgcgcctca 360
      ctatgttaccctgt tacgacgttcc cggactacgg gttcttaataa gaattc 406

```

40

<210> 100

<211> 427

45

<212> ADN

<213> *Camelus dromaderius*

50

<400> 100

```

50      ctcgagtctg ggggaggctc ggtgcagggt ggagggtctc tgagactctc ctgtacaggc 60
      tctggatttcc cctatagtac cttctgtctg ggttgggtcc ggcaggctcc agggaaaggag 120
      cgtgaggggg tcgcgggtat taatgtgtca ggaggtataa cttaatgc cgacgcgtg 180
      aaggggccgtt accatctc ccaagggaaata gcaagaata cggtgttct gcaaataatggat 240
      aacttgaaaac ctgaggacac ggcctactat tactgtgtc cggatgtatcc atgttacatg 300
      55      ccgactatgc ccgcgtcccc gatacggac agttttggctt gggatgattt tggccagggg 360
      acccagggtca cctgttcctc actatgttacc cgtacgttcc tccggactac ggttcttaat 420
      agaattc                                         427

```

55

<210> 101

<211> 409

<212> ADN

<213> *Camelus dromaderius*

65

ES 2 325 541 T3

<400> 101
 5 ctcgagtcag ggggaggcgc ggtacagggtt ggagggtctc tgagactctc ctgtgttagcc 60
 tctactcaca ccgacagtag cacctgtata ggctggtcc gccaggctcc agggaaaggag 120
 cgcgaggggg tcgcaagtat atatgggt gatggtgta cgaattatcg cgaactccgtg 180
 aaggggccat tcaccatctc ccaactcaac gcccagaaca cagtgtatct gcaaatgaac 240
 agcctgaaac ctgaggacag cccatgtac tactgtgaa tcactgaaat tgagtggtat 300
 gggtgcaatt taaggactac tttactcgc tggggccagg ggaccaggat caccgtctcc 360
 tcaactgtt cccgtacgac gttccgact acggttctta atagaattc 409

10 <210> 102
 <211> 445
 <212> ADN
 <213> *Camelus dromaderius*
 15
 <400> 102
 20 ctcgagtcg ggggaggcgc ggtacaaaact ggagggtctc tgagactctc ttgcgaaatc 60
 tctggattga ctttgatga ttctgacgtg ggggtgtacc gccaggctcc aggggatgag 120
 tgcaaattgg tctcaggtat tctgagtat ggtactccat atacaaagag tggagactat 180
 gctgagtcg tgagggccg ggttaccatc tccagagaca acgccaagaa catgatatac 240
 cttcaaatgta acgacacctgaa acctgaggac acggccatgt attactgcgc gtagatgg 300
 tggaccggg aggaaggggg aatcggtt ccctggtcgg tccaatgtga agatggttat 360
 aactattggg gccaggggac ccaggtcacc gtctcctcac tagtacccg tacgacgttc 420
 25 cgactacgg ttcttaatag aattc 445

<210> 103
 <211> 394
 30 <212> ADN
 <213> *Camelus dromaderius*
 <400> 103
 35 ctcgagtcg gaggaggcgc ggtgcaggct ggagggtctc tgagactctc ctgtgttagcc 60
 tctggattca atttcgaaac ttctcgatg gcgtggtacc gccagactcc agggaaatgtc 120
 tggatgttgg tctcaagtat ttacagtat ggcaaaacat actacgtcg cccatgtaa 180
 ggccgattca ccatttctag agagaatgcc aagaatacat tggatctaca actgagccgc 240
 40 ctcAACCTG aggacacggc catgtattac tggcgcggg ttgaatatcc tattgcagac 300
 atgtgttcga gataccgc cccggggacc caggtcaccg tctcctcaact agttacccgt 360
 acgacgaacc ggactacgg tttaataga attc 394

<210> 104
 <211> 433
 45 <212> ADN
 <213> *Camelus dromaderius*
 50 <400> 104
 55 ctcgagtcg ggggaggcgc ggtgcagggtt ggagggtctc tgaaactctc ctgtaaaatc 60
 tctggaggta cccccagatcg ttttcttaaaa tctttggct ggccggccca ggctccagag 120
 aaggagcgcg aggggatcgc agttttcg actaaggatg gtaagacatt ctatgccac 180
 tccgtgaagg ggcgattcac catttctta gataatgaca agaccactt ctccttacaa 240
 cttgatcgac tgaacccggg ggacactgcc gactactact ggcgtgcataa tcaatttagct 300
 ggtggctggg atttggaccc gaattactgg ctctctgtgg gtgcataatgc catctggggc 360
 caggggaccc aggtcaccgt ctccctcaact gttacccgtt cgacgttccg gactacgggtt 420
 tttaatagaa ttc 433

60 <210> 105
 <211> 416
 <212> ADN
 <213> *Camelus dromaderius*
 65

ES 2 325 541 T3

ES 2 325 541 T3

<400> 115

5 Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg
1 5 10 15
Asp Glu Leu

5 <210> 116

<211> 19

10 <212> PRT

10 <213> Humano

<400> 116

15 Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg
1 5 10 15
Glu Glu Met

<210> 117

20 <211> 19

<212> PRT

<213> Humano

25 <400> 117

 Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln
1 5 10 15
Glu Glu Met

30 <210> 118

<211> 30

<212> PRT

35 <213> múrido

<400> 118

40 Glu Val Lys Leu Val Glu Ser Gly Gly Leu Val Glu Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Thr Ser Gly Phe Thr Phe Ser
20 25 30

<210> 119

45 <211> 29

<212> PRT

<213> Humano

50 <400> 119

 Glu Val Gln Leu Leu Ser Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
1 5 10 15
Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser
20 25

55 <210> 120

<211> 11

<212> PRT

60 <213> Humano

<400> 120

65 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
1 5 10

ES 2 325 541 T3

<210> 121

<211> 11

<212> PRT

5 <213> Humano

<400> 121

10 Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
 1 5 10

<210> 122

<211> 11

15 <212> PRT

<213> múrido

<400> 122

20 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 1 5 10

<210> 123

25 <211> 11

<212> PRT

<213> múrido

30 <400> 123

 Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ala
 1 5 10

<210> 124

35 <211> 11

<212> PRT

<213> múrido

40 <400> 124

 Trp Gly-Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 1 5 10

45 <210> 125

<211> 21

<212> PRT

50 <213> múrido

<400> 125

55 Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Tyr Phe Asp Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr
 1 5 10 15
 Val Thr Val Ser Ser
 20

<210> 126

60 <211> 67

<212> PRT

<213> Humano

ES 2 325 541 T3

<400> 126

5 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Leu Lys Thr Pro Leu Gly Asp Thr Thr
 1 5 10 15
 His Thr Cys Pro Arg Cys Pro Glu Pro Lys Cys Ser Asp Thr Pro Pro
 20 25 30
 Pro Cys Pro Arg Cys Pro Glu Pro Lys Ser Cys Asp Thr Pro Pro Pro
 35 40 45
 Cys Pro Arg Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe
 50 55 60
10 Leu Phe Pro
 65

<210> 127

<211> 35

15 <212> PRT

<213> Humano

20 <400> 127

25 Lys Val Asp Lys Lys Ala Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr
 1 5 10 15
 Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe

30

 20 25 30
 Leu Phe Pro
 35

35 <210> 128

<211> 31

<212> PRT

<213> Humano

40

<400> 128

45 Lys Val Lys Val Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro
 1 5 10 15
 Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 20 25 30

<210> 129

<211> 32

45 <212> PRT

<213> Humano

50 <400> 129

55 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser
 1 5 10 15
 Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 20 25 30

55 <210> 130

<211> 11

<212> PRT

<213> Humano

60

<400> 130

65 Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 1 5 10

<210> 131

<211> 98

ES 2 325 541 T3

<212> PRT

<213> Humano

5 <400> 131

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Gly Lys Pro Gly Ala		
1 5 10 15		
Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Phe Thr Ser Tyr Trp		
20 25 30		
10 Met His Trp Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Arg Glu Trp Ile Gly Arg	35	
40 45		
Ile Asp Asn Ser Gly Gly Thr Lys Asn Glu Phe Lys Ser Lys Ala Thr		
50 55 60		
15 Leu Thr Val Asp Lys Pro Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln Ser Ser Leu		
65 70 75 80		
Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg		
85 90		

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65