【公報種別】特許法第１７条の２の規定による補正の掲載
【部門区分】第１部門第１区分
【発行日】平成17年6月16日(2005.6.16)

【公表番号】特表2001-503265(P2001-503265A)
【公表日】平成13年3月13日(2001.3.13)
【出願番号】特願平10-520525
【国際特許分類第７版】
　Ｃ１２Ｎ　15/09
　Ａ６１Ｋ　35/28
　Ａ６１Ｋ　38/00
　Ａ６１Ｋ　38/22
　Ａ６１Ｋ　45/00
　Ａ６１Ｋ　48/00
　Ａ６１Ｐ　 7/06
　Ｃ０７Ｋ　14/47
　Ｃ１２Ｎ　 5/10
　Ｃ１２Ｐ　21/02
【ＦＩ】
　Ｃ１２Ｎ　15/00　　ＺＮＡＡ
　Ａ６１Ｋ　35/28
　Ａ６１Ｋ　45/00
　Ａ６１Ｋ　48/00
　Ａ６１Ｐ　 7/06
　Ｃ０７Ｋ　14/47
　Ｃ１２Ｐ　21/02　　Ｃ
　Ｃ１２Ｎ　 5/00　　Ｂ
　Ａ６１Ｋ　37/02
　Ａ６１Ｋ　37/24

【手続補正書】
【提出日】平成16年10月25日(2004.10.25)
【手続補正１】
【補正対象書類名】明細書
【補正対象項目名】補正の内容のとおり
【補正方法】変更
【補正の内容】

手　続　補　正　書

平成１６年１０月２５日

特許庁長官殿

1. 事件の表示

平成１０年特許願第５２０５２５号

2. 補正をする者

事件との関係　特許出願人

名　称　　ジー．ディー．サール　アンド　カンパニー

3. 代　理　人

居　所　〒100-0004　東京都千代田区大手町二丁目２番１号
新　大　手　町　ビ　ル　ヂ　ン　グ　３　３　１
電　話　（　３　２　１　１　）　３　６　５　１　（代表）
氏　名　（６６６９）　浅　村　　皓

4. 補正により減少する請求項の数　　9

5. 補正対象書類名

請求の範囲

6. 補正対象項目名

請求の範囲

7. 補正の内容　　別紙のとおり

請求の範囲

１．ヒトｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドであって、式：

```
ThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArg
                              10                            20

GluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAsp
                              30                            40

GluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMetGluArgLeu
                              50                            60

LysThrValAlaGlySerLysMetGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHis
                              70                            80

PheValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsn
                              90                           100

IleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThr
                             110                           120

ArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeu
                             130
```

配列番号：１４４

［式中、１～７アミノ酸は、配列番号：１４４のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドのＣ末端から場合により欠失しており；

Ｎ末端は、直接、またはＮ末端をＣ末端につなぐことができかつそれぞれアミノ酸：

２８－２９	４２－４３	９３－９４
２９－３０	６４－６５	９４－９５
３０－３１	６５－６６	９５－９６
３１－３２	６６－６７	９６－９７
３２－３３	８６－８７	９７－９８
３４－３５	８７－８８	９８－９９
３６－３７	８８－８９	９９－１００
３７－３８	８９－９０	１００－１０１
３８－３９	９０－９１	１０１－１０２
３９－４０	９１－９２	１０２－１０３

４０－４１　　９２－９３

４１－４２

に新しいＣ末端とＮ末端を有することができるリンカーによりＣ末端に連結され；そして

さらに該ｆｌｔ３受容体アゴニストポリペプチドの該新しいN末端は、場合により直前に（メチオニン$^{-1}$）、（アラニン$^{-1}$）または（メチオニン$^{-2}$、アラニン$^{-1}$）が置かれる］の修飾ｆｌｔ－３リガンドアミノ酸配列を含んでなる、上記ポリペプチド。

２．リンカーは、

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒ　配列番号：３８；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒ　配列番号：３９；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒ　配列番号：４０；

ＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒ　配列番号：４１；

ＧｌｕＰｈｅＧｌｙＡｓｎＭｅｔ　配列番号：４２；

ＧｌｕＰｈｅＧｌｙＧｌｙＡｓｎＭｅｔ　配列番号：４３；

ＧｌｕＰｈｅＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙＧｌｙＡｓｎＭｅｔ　配列番号：４４；

ＧｌｙＧｌｙＳｅｒＡｓｐＭｅｔＡｌａＧｌｙ　配列番号：４５；

ＳｅｒＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙ　配列番号：４６；

ＳｅｒＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙ　配列番号：４７；

ＳｅｒＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＡｓｎＧｌｙ　配列番号：４８；

ＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙ　配列番号：４９；

ＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙ　配列番号５０；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙ　配列番号：５１；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙ　配列番号：５２；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙ　配列番号：５３；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙ　配列番号：５４；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙ　配列番号：５５；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙ　配列番号：５６；

ＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙＧｌｙＳｅｒＧｌｙ　配列番号：１４８；

ＰｒｏＰｒｏＰｒｏＴｒｐＳｅｒＰｒｏＡｒｇＰｒｏＬｅｕＧｌｙＡｌａＴｈｒＡｌａＰｒｏＴｈｒＡｌａＧｌｙＧｌｎＰｒｏＰｒｏＬｅｕ　配列番号：１４９；

ＰｒｏＰｒｏＰｒｏＴｒｐＳｅｒＰｒｏＡｒｇＰｒｏＬｅｕＧｌｙＡｌａＴｈｒＡｌａＰｒｏＴｈｒ　配列番号：１５０；および

ＶａｌＧｌｕＴｈｒＶａｌＰｈｅＨｉｓＡｒｇＶａｌＳｅｒＧｌｎＡｓｐＧｌｙＬｅｕＬｅｕＴｈｒＳｅｒ　配列番号：１５１

よりなる群から選択される、請求の範囲第１項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチド。

３．請求の範囲第１項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドであって、

AlaAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMETGlu
ArgLeuLysThrValAlaGlySerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGlu
IleHisPheValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGln
ThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrp
IleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThr
LeuSerGlyGlyAsnGlySerGlyGlyAsnGlySerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCys
SerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAsp
TyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGln SEQ ID NO:8;

AlaAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMETGlu
ArgLeuLysThrValAlaGlySerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGlu
IleHisPheValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGln
ThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrp
IleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThr
LeuSerGlyGlyAsnGlySerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSer
ProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAsp
TyrProValThrValAlaSerAsnLeuGln SEQ ID NO:9;

AlaAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMETGlu
ArgLeuLysThrValAlaGlySerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGlu
IleHisPheValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGln
ThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrp
IleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThr
LeuSerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAsp
PheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrVal
AlaSerAsnLeuGln SEQ ID NO:10;

AlaSerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLys
CysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeu
LeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPhe
SerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuSerGlyGlyAsnGly
SerGlyGlyAsnGlySerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerPro
IleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyr
ProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeu
ValLeuAlaGlnArgTrpMETGluArgLeuLysThrValAlaGly SEQ ID NO:11;

AlaSerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLys
CysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeu
LeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPhe
SerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuSerGlyGlyAsnGly
SerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPhe
AlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAla
SerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArg
TrpMETGluArgLeuLysThrValAlaGly SEQ ID NO:12;

AlaSerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLys
CysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeu
LeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPhe
SerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuSerGlyGlyAsnGly
ThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArg
GluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAsp
GluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMETGluArgLeu
LysThrValAlaGly SEQ ID NO:13;

AlaProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThr
SerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeu
GluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuSerGlyGlyAsnGlySerGlyGlyAsn
GlySerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAsp
PheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrVal
AlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGln
ArgTrpMETGluArgLeuLysThrValAlaGlySerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArg
ValAsnThrGluIleHisPheValThrLysCysAlaPheGlnPro SEQ ID NO:14;

AlaProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThr
SerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeu
GluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuSerGlyGlyAsnGlySerGlyGlyAsn
GlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIle
ArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGln
AspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMETGluArg
LeuLysThrValAlaGlySerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIle
HisPheValThrLysCysAlaPheGlnPro SEQ ID NO:15;

AlaProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThr
SerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeu
GluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuSerGlyGlyAsnGlyThrGlnAspCys
SerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAsp
TyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCys
GlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMETGluArgLeuLysThrValAla
GlySerLysMETGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLys
CysAlaPheGlnPro SEQ ID NO:16;

AlaAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeu
TrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMetGluArgLeuLysThrValAlaGlySerLys
MetGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLysCysAlaPhe
GlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGlu
ThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCys
LeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuGlyGlyGlySerGlyGlyGlySer
GlyGlyGlySerGlyGlyGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSer
AspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGln SEQ ID NO:31;

AlaAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAla
GlnArgTrpMetGluArgLeuLysThrValAlaGlySerLysMetGlnGlyLeuLeuGlu
ArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCys
LeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuVal

AlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGln
ProAspSerSerThrLeuGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGly
GlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIle
ArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrVal SEQ ID NO:32;

AlaValAlaGlySerLysMetGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPhe
ValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIle
SerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArg
GlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuGlyGly
GlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlyThrGlnAspCysSerPheGln
HisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeu
GlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeu
TrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMetGluArgLeuLysThr SEQ ID NO:33;

AlaSerLysMetGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThrLys
CysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeu
LeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPhe
SerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuGlyGlyGlySerGly
GlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerPro
IleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyr
ProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeu
ValLeuAlaGlnArgTrpMetGluArgLeuLysThrValAlaGly SEQ ID NO:34;

AlaProProSerCysLeuArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThr
SerGluGlnLeuValAlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeu
GluLeuGlnCysGlnProAspSerSerThrLeuGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGly
GlyGlySerGlyGlyGlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAsp
PheAlaValLysIleArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrVal
AlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGln
ArgTrpMetGluArgLeuLysThrValAlaGlySerLysMetGlnGlyLeuLeuGluArg
ValAsnThrGluIleHisPheValThrLysCysAlaPheGlnPro SEQ ID NO:35;

AlaArgPheValGlnThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuVal
AlaLeuLysProTrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGln
ProAspSerSerThrLeuGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGly
GlyThrGlnAspCysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIle
ArgGluLeuSerAspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGln
AspGluGluLeuCysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMetGluArg
LeuLysThrValAlaGlySerLysMetGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIle
HisPheValThrLysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeu SEQ ID NO:36;

AlaThrAsnIleSerArgLeuLeuGlnGluThrSerGluGlnLeuValAlaLeuLysPro
TrpIleThrArgGlnAsnPheSerArgCysLeuGluLeuGlnCysGlnProAspSerSer
ThrLeuGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlySerGlyGlyGlyThrGlnAsp
CysSerPheGlnHisSerProIleSerSerAspPheAlaValLysIleArgGluLeuSer
AspTyrLeuLeuGlnAspTyrProValThrValAlaSerAsnLeuGlnAspGluGluLeu
CysGlyGlyLeuTrpArgLeuValLeuAlaGlnArgTrpMetGluArgLeuLysThrVal
AlaGlySerLysMetGlnGlyLeuLeuGluArgValAsnThrGluIleHisPheValThr
LysCysAlaPheGlnProProProSerCysLeuArgPheValGln SEQ ID NO:37.

よりなる群から選択される、上記ポリペプチド。

４．請求の範囲第１項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドをコードする配列を含んでなる、核酸分子。

５．請求の範囲第２項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドをコードする配列を含んでなる、核酸分子。

６．請求の範囲第３項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドをコードする配列を含んでなる、核酸分子。

７．請求の範囲第６項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストポリペプチドをコードする配列を含んでなる、核酸分子であって、

GCCGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCG
CTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGC
TGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAG
CCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCT
GCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCC
AGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACC
CTGTCTGGAGGTAACGGATCCGGTGGCAATGGGAGCGGCGGAAATGGAAC
CCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCA
AAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTG
GCCTCCAACCTGCAG SEQ ID NO:113;

GCCGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCG
CTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGC
TGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAG
CCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCT
GCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCC
AGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACC
CTGTCAGGCGGTAACGGCAGTGGAGGTAATGGCACCCAGGACTGCTCCTT
CCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGT
CTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAG
SEQ ID NO:114;

GCCGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCG
CTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGC
TGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAG
CCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCT
GCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCC
AGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACC
CTGTCTGGCGGCAACGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCAT
CTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTC

AAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAG SEQ ID NO:115;

GCCTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTT
TGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCC
AGACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCG
CTGAAGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCA
GTGTCAGCCCGACTCCTCAACCCTGTCTGGAGGTAACGGATCCGGTGGCA
ATGGGAGCGGCGGAAATGGAACCCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCC
ATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCT
TCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCT
GCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTC
AAGACTGTCGCTGGG SEQ ID NO:116;

GCCTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTT
TGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCC
AGACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCG
CTGAAGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCA
GTGTCAGCCCGACTCCTCAACCCTGTCTGGAGGTAACGGATCCGGAGGTA
ATGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTC
GCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGT
CACCGTGGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGC
GGCTGGTCCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGG
SEQ ID NO:117;

GCCTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTT
TGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCC
AGACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCG
CTGAAGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCA
GTGTCAGCCCGACTCCTCAACCCTGTCTGGCGGCAACGGCACGCAGGACT
GCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGT
GAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAA
CCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCAC
AGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGG SEQ ID NO:118;

GCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCT
GCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCC
AGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACC
CTGTCTGGAGGTAACGGCAGTGGTGGCAATGGGAGCGGTGGAAATGGAAC
CCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCA
AAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTG
GCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGT
CCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGA
TGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAA
TGTGCCTTTCAGCCC SEQ ID NO:119;

GCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCT
GCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCC
AGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACC
CTGTCAGGCGGTAACGGCAGTGGAGGTAATGGCACCCAGGACTGCTCCTT
CCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGT
CTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAG
GACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCGCTG

GATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGG
AGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCC
SEQ ID NO:120;

GCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCT
GCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCC
AGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACC
CTGTCTGGCGGCAACGGCACGCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCAT
CTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTC
AAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGC
GGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAA
GACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGG
AGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCC SEQ ID NO:121;

GCCGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGG
GCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGC
TGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTC
ACCAAATGTGCCTTTCAGCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACA
TCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGAT
CACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCA
ACCCTGGGCGGTGGGTCAGGAGGTGGGTCAGGAGGTGGATCCGGAGGTGGCACCC
AGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCG
TGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAA SEQ ID NO:136;

GCCGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCC
TGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGG
CTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAG
CCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGG
AGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTC
CCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACCCTGGGCGGTGGGTCA
GGAGGTGGGTCAGGAGGTGGATCCGGAGGTGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAAC
ACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCT
GCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTG SEQ ID NO:137;

GCCGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATAC
ACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCA
GACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAG
CCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCG
ACTCCTCAACCCTGGGCGGTGGGTCAGGAGGTGGGTCAGGAGGTGGATCCGGAGG
TGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTC
AAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCT
CCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACA
GCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACT SEQ ID NO:138;

GCCTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCA
CCAAATGTGCCTTTCAGCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACAT
CTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATC
ACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAA
CCCTGGGCGGTGGGTCAGGAGGTGGGTCAGGAGGTGGATCCGGAGGTGGCACCCA
GGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGT
GAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGC

AGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCGCTGGAT
GGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGG SEQ ID NO:139;

GCCCCCCCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGG
AGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTC
CCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACCCTGGGCGGTGGGTCA
GGAGGTGGGTCAGGAGGTGGATCCGGAGGTGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAAC
ACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCT
GCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGC
GGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTG
TCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTT
TGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCC SEQ ID NO:140;

GCCCGCTTCGTCCAGACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGC
TGGTGGCGCTGAAGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCT
GCAGTGTCAGCCCGACTCCTCAACCCTGGGCGGTGGGTCAGGAGGTGGGTCAGGA
GGTGGATCCGGAGGTGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCT
CCGACTTCGCTGTCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCC
AGTCACCGTGGCCTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGG
CTGGTCCTGGCACAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGA
TGCAAGGCTTGCTGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGC
CTTTCAGCCCCCCCCCAGCTGTCTT SEQ ID NO:142;

GCCACCAACATCTCCCGCCTCCTGCAGGAGACCTCCGAGCAGCTGGTGGCGCTGA
AGCCCTGGATCACTCGCCAGAACTTCTCCCGGTGCCTGGAGCTGCAGTGTCAGCC
CGACTCCTCAACCCTGGGCGGTGGGTCAGGAGGTGGGTCAGGAGGTGGATCCGGA
GGTGGCACCCAGGACTGCTCCTTCCAACACAGCCCCATCTCCTCCGACTTCGCTG
TCAAAATCCGTGAGCTGTCTGACTACCTGCTTCAAGATTACCCAGTCACCGTGGC
CTCCAACCTGCAGGACGAGGAGCTCTGCGGGGGCCTCTGGCGGCTGGTCCTGGCA
CAGCGCTGGATGGAGCGGCTCAAGACTGTCGCTGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGC
TGGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCACCAAATGTGCCTTTCAGCCCCC
CCCCAGCTGTCTTCGCTTCGTCCAG SEQ ID NO:143

よりなる群から選択される、上記核酸分子。

８．請求の範囲第４、５、６または７項に記載の該核酸分子を含む複製可能なベクターで形質転換またはトランスフェクションした宿主細胞を、該ｆｌｔ３受容体アゴニストポリペプチドを発現させることができる方法で、適切な栄養条件下で、増殖させ、そして該ｆｌｔ３受容体アゴニストポリペプチドを回収することを含んでなる、ｆｌｔ３受容体アゴニストポリペプチドの製造方法。

９．請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチド；および薬剤学的に許容される担体を含んでなる組成物。

１０．請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチド；コロニー刺激因子

、サイトカイン、リンホカイン、インターロイキン、および造血系増殖因子よりなる群から選択される因子；および薬剤学的に許容される担体、を含んでなる組成物。

１１．因子は、ＧＭ－ＣＳＦ、Ｇ－ＣＳＦ、ｃ－ｍｐｌリガンド、Ｍ－ＣＳＦ、ＩＬ－１、ＩＬ－４、ＩＬ－２、ＩＬ－３、ＩＬ－５、ＩＬ－６、ＩＬ－７、ＩＬ－８、ＩＬ－９、ＩＬ－１０、ＩＬ－１１、ＩＬ－１２、ＩＬ－１３、ＩＬ－１５、ＬＩＦ、ｆｌｔ３／ｆｌｋ２リガンド、ヒト成長ホルモン、Ｂ細胞増殖因子、Ｂ細胞分化因子、ＥＰＯ、および好酸球分化因子；ＩＬ－３変種、融合タンパク質、Ｇ－ＣＳＦ受容体アゴニスト、ｃ－ｍｐｌ受容体アゴニスト、ＩＬ－３受容体アゴニスト、多機能性受容体アゴニスト；および薬剤学的に許容される担体よりなる群から選択される、請求の範囲第１０項に記載の組成物。

１２．請求の範囲第１、２、３または４項に記載の該ポリペプチドを含んでなる、造血細胞産生刺激剤。

１３．請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含んでなる、造血細胞産生刺激剤。

１４．幹細胞の選択的エクスビボ拡張のための方法であって、

（ａ）造血細胞を他の細胞から分離し；

（ｂ）請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチドを含む培地中で該分離造血細胞を培養し；そして

（ｃ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

１５．造血細胞の選択的エクスビボ拡張のための方法であって、

（ａ）請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む培地で該造血細胞を培養し；そして

（ｂ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

１６．造血細胞の選択的エクスビボ拡張のための方法であって、

（ａ）造血細胞を他の細胞から分離し；

（ｂ）請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む培地中で該分離造血細胞を培養し；そして

（ｃ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

１７．造血系疾患を有する患者を治療するための造血製剤の製造方法であって、

（ａ）該患者から取り出した造血細胞を、請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチドを含む培地中で培養し；

（ｂ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

１８．造血系疾患を有する患者を治療するための造血製剤の製造方法であって、

（ａ）該患者から取り出した造血細胞を他の細胞から分離し；

（ｂ）請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチドを含む培地中で該分離造血細胞を培養し；

（ｄ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

１９．造血系疾患を有する患者を治療するための造血製剤の製造方法であって、

（ａ）該患者から取り出した造血細胞を、請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む増殖培地中で培養し；

（ｂ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

２０．造血系疾患を有する患者を治療するための造血製剤の製造方法であって、

（ａ）該患者から取り出した造血細胞を他の細胞から分離し；

（ｂ）請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む増殖培地で該分離造血細胞を培養し；

（ｃ）該培養細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

２１．ヒト遺伝子治療用細胞を製造する方法であって、

（ａ）患者から取り出した造血細胞を、請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチドを含む増殖培地で培養し；

（ｂ）該培養細胞にＤＮＡを形質導入し；

（ｃ）該形質導入細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

２２．ヒト遺伝子治療用細胞を製造する方法であって、

（ａ）患者から取り出した造血細胞を他の細胞から分離し；

（ｂ）請求の範囲第１、２、３または４項に記載のポリペプチドを含む増殖培地中で該分離造血細胞を培養し；

（ｃ）該培養細胞にＤＮＡを形質導入し；

（ｄ）該形質導入細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

２３．ヒト遺伝子治療用細胞を製造する方法であって、

（ａ）患者から取り出した造血細胞を、請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む増殖培地中で培養し；

（ｂ）該培養細胞にＤＮＡを形質導入し；

（ｃ）該形質導入細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

２４．ヒト遺伝子治療用細胞を製造する方法であって、

（ａ）患者から取り出した造血細胞を他の細胞から分離し；

（ｂ）請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む増殖培地中で該分離造血細胞を培養し；

（ｃ）該培養細胞にＤＮＡを形質導入し；

（ｄ）該形質導入細胞を採取する、

工程を含んでなる、上記方法。

２５．樹状細胞の産生のための方法であって、

ａ）造血始原細胞またはＣＤ３４＋細胞を他の細胞から分離し；

ｂ）請求の範囲第１、２、３または４項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストを含む増殖培地中で該造血始原細胞またはＣＤ３４＋細胞を培養する、

工程を含んでなる、上記方法。

２６．さらに、

ｃ）該培養造血始原細胞またはＣＤ３４＋細胞に抗原を適用する、

工程を含んでなる、請求の範囲第２５項に記載の方法。

２７．該増殖培地は、ＧＭ－ＣＳＦ、ＩＬ－４、ＴＮＦ－α、幹細胞因子（ＳＣＦ）、ｆｌｔ－３リガンド、ＩＬ－３、ＩＬ－３変種、ＩＬ－３変種融合タンパク質、および多機能性受容体アゴニストよりなる群から選択される１つまたはそれ以上の因子をさらに含んでなる、請求の範囲第２５項又は第２６項に記載の方法。

２８．請求の範囲第１、２、３または４項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストを含んでなる、腫瘍、感染症または自己免疫疾患を有するヒトを治療するための製剤。

２９．ＧＭ－ＣＳＦ、ＩＬ－４、ＴＮＦ－α、幹細胞因子（ＳＣＦ）、ｆｌｔ－３リガンド、ＩＬ－３、ＩＬ－３変種、ＩＬ－３変種融合タンパク質、および多機能性受容体アゴニストよりなる群から選択される、１つまたはそれ以上の因子とともに、請求の範囲第２８項に記載の製剤を含む、腫瘍、感染症または自己免疫疾患を有するヒトを治療するためのキット。

３０．抗原をさらに含んでなる、請求の範囲第２９項に記載のキット。

３１．ヒトから取り出した樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞を、請求の範囲第１、２、３または４項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストを含む増殖培地で培養し、

該樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞に抗原を適用する

工程を含んでなる、腫瘍、感染症または自己免疫疾患を有するヒトを治療するための抗原適用樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞の製造方法。

３２．ヒトから取り出した樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞を、請求の範囲第９、１０または１１項に記載の組成物を含む増殖培地で培養し、

該樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞に抗原を適用する

工程をさらに含んでなる、腫瘍、感染症または自己免疫疾患を有するヒトを治療するための抗原適用樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞の製造方法。

３３．該増殖培地は、ＧＭ－ＣＳＦ、ＩＬ－４、ＴＮＦ－α、幹細胞因子（ＳＣＦ）、ｆｌｔ－３リガンド、ＩＬ－３、ＩＬ－３変種、ＩＬ－３変種融合タンパク質、および多機能性受容体アゴニストよりなる群から選択される１つまたはそれ以上の因子をさらに含んでなる、請求の範囲第３１項又は第３２項に記載の方法。

３４．腫瘍、感染症または自己免疫疾患を有するヒトを治療するための細胞の製造方法であって、

該ヒトから取り出した造血始原細胞またはＣＤ３４＋細胞を、請求の範囲第１、２

、３または４項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストを含む増殖培地で培養して、樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞を産生させる、

工程を含んでなる、上記方法。

３５．腫瘍、感染症または自己免疫疾患を有するヒトを治療するための細胞の製造方法であって、

ａ）該ヒトから取り出した造血始原細胞またはＣＤ３４＋細胞を、請求の範囲第１、２、３または４項に記載のｆｌｔ－３受容体アゴニストを含む増殖培地で培養して、樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞を産生させ；

ｂ）該樹状細胞前駆細胞または成熟樹状細胞に抗原を適用する、

工程を含んでなる、上記方法。

３６．培養の前に、該造血始原細胞またはＣＤ３４＋細胞を他の細胞から分離する工程をさらに含んでなる、請求の範囲第３４項又は第３５項に記載の方法。

３７．該培地は、ＧＭ－ＣＳＦ、ＩＬ－４、ＴＮＦ－α、幹細胞因子（ＳＣＦ）、ｆｌｔ－３リガンド、ＩＬ－３、ＩＬ－３変種、ＩＬ－３変種融合タンパク質、および多機能性受容体アゴニストよりなる群から選択される１つまたはそれ以上の因子をさらに含んでなる、請求の範囲第３４から３６項の何れか１項に記載の方法。