(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2023-0113295
(43) 공개일자 2023년07월28일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/10 (2006.01) *A61K 39/00* (2006.01)
A61P 31/14 (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 16/10 (2013.01)
A61P 31/14 (2018.01)
(21) 출원번호 10-2023-7017200
(22) 출원일자(국제) 2021년10월27일
심사청구일자 없음
(85) 번역문제출일자 2023년05월22일
(86) 국제출원번호 PCT/EP2021/079901
(87) 국제공개번호 WO 2022/090353
국제공개일자 2022년05월05일
(30) 우선권주장
2017058.5 2020년10월27일 영국(GB)

(71) 출원인
키맵 리미티드
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930)
(72) 발명자
켈람, 폴
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
팔저, 앤
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
양영준, 김영

전체 청구항 수 : 총 72 항

(54) 발명의 명칭 **SARS-COV-2에 대한 항체 및 그의 용도**

(57) 요 약

본 발명은 SARS-CoV-2에 특이적인 항체에 관한 것이다. 본 발명은 또한 항체를 포함하는 치료 방법, 용도, 제약 조성물 및 키트를 제공한다.

대 표 도 - 도1



(52) CPC특허분류
A61K 2039/505 (2013.01)
C07K 2317/21 (2013.01)
C07K 2317/75 (2013.01)
C07K 2317/76 (2013.01)
C07K 2317/92 (2013.01)
(72) 발명자
저머쉐우스키, 볼커
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
왓슨, 사이먼 제임스
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
그림쇼, 벤저민 데이빗
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
빈터, 스펠라
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
샤리, 야로스와프 미할
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
빌로드, 마고
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
롤랜드, 로버트
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
크리슈나, 아이샤랴
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
린, 휘안-춘
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
양, 청-위안
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내
류, 리-잉
영국 씨비22 3에이티 캠브릿지 바브라함 리서치 캠퍼스 더 베넷 빌딩 (비930) 키맵 리미티드 내

명 세 서

청구범위

청구항 1

SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 중화 항체로서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체.

청구항 2

제1항에 있어서, 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 표 1a에 제시된 바와 같은 항체 IMPI-037의 HCDR3 (서열식별번호: 182)인 항체.

청구항 3

제2항에 있어서, 6개의 CDR이 표 1a에 제시된 바와 같은 항체 IMPI-037의 것 (서열식별번호: 180 내지 182, 185, 18 및 186)인 항체.

청구항 4

제3항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 표 1a에 제시된 바와 같은 항체 IMPI-037의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 (서열식별번호: 179 및 184)을 포함하는 것인 항체.

청구항 5

제3항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1a에 제시된 바와 같은 항체 IMPI-037의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체가 표 1a에 제시된 바와 같은 항체 IMPI-037의 6개의 CDR을 갖는 것인 항체.

청구항 6

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1a에 제시된 바와 같은 항체 IMPI-037의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

청구항 7

제1항에 있어서, 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 HCDR3인 항체.

	YANG-1112	**YANG-2107**	**YANG-2108**	**YANG-2111**
HCDR3	SEQ ID No: 574	SEQ ID No: 901	SEQ ID No: 910	SEQ ID No: 1048

청구항 8

제7항에 있어서, 6개의 CDR이 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111 중 하나의 것인 항체.

	YANG-1112	YANG-2107	YANG-2108	YANG-2111
HCDR1	SEQ ID No: 572	SEQ ID No: 899	SEQ ID No: 908	SEQ ID No: 1046
HCDR2	SEQ ID No: 573	SEQ ID No: 900	SEQ ID No: 909	SEQ ID No: 1047
HCDR3	SEQ ID No: 574	SEQ ID No: 901	SEQ ID No: 910	SEQ ID No: 1048
LCDR1	SEQ ID No: 577	SEQ ID No: 904	SEQ ID No: 913	SEQ ID No: 1051
LCDR2	SEQ ID No: 578	SEQ ID No: 203	SEQ ID No: 203	SEQ ID No: 1052
LCDR3	SEQ ID No: 579	SEQ ID No: 905	SEQ ID No: 914	SEQ ID No: 1053

청구항 9

제8항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

	YANG-1112	YANG-2107	YANG-2108	YANG-2111
VH	SEQ ID No: 571	SEQ ID No: 898	SEQ ID No: 907	SEQ ID No: 1045
VL	SEQ ID No: 576	SEQ ID No: 903	SEQ ID No: 912	SEQ ID No: 1050

청구항 10

제8항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체가 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 CDR을 갖는 것인 항체.

청구항 11

제7항 내지 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

청구항 12

SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 중화 항체.

청구항 13

제12항에 있어서, 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 HCDR3인 항체.

	YANG-2203	YANG-2204	YANG-2205	YANG-2206	YANG-2207	YANG-2208
HCDR3	SEQ ID No: 1108	SEQ ID No: 1228	SEQ ID No: 1238	SEQ ID No: 1248	SEQ ID No: 1258	SEQ ID No: 1268

청구항 14

제13항에 있어서, 6개의 CDR이 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208 중 하나의 것인 항체.

	YANG-2203	YANG-2204	YANG-2205	YANG-2206	YANG-2207	YANG-2208
HCDR1	SEQ ID No: 1106	SEQ ID No: 1226	SEQ ID No: 1236	SEQ ID No: 1246	SEQ ID No: 1256	SEQ ID No: 1266
HCDR2	SEQ ID No: 1107	SEQ ID No: 1227	SEQ ID No: 1237	SEQ ID No: 1247	SEQ ID No: 1257	SEQ ID No: 1267
HCDR3	SEQ ID No: 1108	SEQ ID No: 1228	SEQ ID No: 1238	SEQ ID No: 1248	SEQ ID No: 1258	SEQ ID No: 1268
LCDR1	SEQ ID No: 1111	SEQ ID No: 1231	SEQ ID No: 1241	SEQ ID No: 1251	SEQ ID No: 1261	SEQ ID No: 1271
LCDR2	SEQ ID No: 1112	SEQ ID No: 1232	SEQ ID No: 1242	SEQ ID No: 1252	SEQ ID No: 1262	SEQ ID No: 1272
LCDR3	SEQ ID No: 1113	SEQ ID No: 1233	SEQ ID No: 1243	SEQ ID No: 1253	SEQ ID No: 1263	SEQ ID No: 1273

청구항 15

제14항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

	YANG-2203	YANG-2204	YANG-2205	YANG-2206	YANG-2207	YANG-2208
VH	SEQ ID No: 1105	SEQ ID No: 1225	SEQ ID No: 1235	SEQ ID No: 1245	SEQ ID No: 1255	SEQ ID No: 1265,
VL	SEQ ID No: 1110	SEQ ID No: 1230	SEQ ID No: 1240	SEQ ID No: 1250	SEQ ID No: 1260	SEQ ID No: 1270

청구항 16

제14항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체가 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 CDR을 갖는 것인 항체.

청구항 17

제12항 내지 제16항 중 어느 한 항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

청구항 18

SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 중화 항체로서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체.

청구항 19

제1항에 있어서, 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1401의 HCDR3 (서열식별번호: 780)인 항체.

청구항 20

제2항에 있어서, 6개의 CDR이 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1401의 것 (서열식별번호: 778-780, 783, 18 및 784)인 항체.

청구항 21

제3항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메

인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1401의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 (서열식별번호: 777 및 782)을 포함하는 것인 항체.

청구항 22

제3항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1401의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체가 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1401의 6개의 CDR을 갖는 것인 항체.

청구항 23

제1항 내지 제22항 중 어느 한 항에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 각각 표 1b에 제시된 바와 같은 항체 YANG-1401의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

청구항 24

SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 제1항 내지 제23항 중 어느 한 항에 따른 항체와 경쟁하는 항체.

청구항 25

제1항 내지 제23항 중 어느 한 항에 따른 항체와 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 상의 동일한 에피토프에 결합하는 항체.

청구항 26

제1항 내지 제25항 중 어느 한 항에 있어서, 인간 IgG1 항체인 항체.

청구항 27

제26항에 있어서, 서열식별번호: 418의 불변 영역 서열을 포함하는 인간 IgG1 항체인 항체.

청구항 28

제1항 내지 제25항 중 어느 한 항에 있어서, 인간 IgG4 항체인 항체.

청구항 29

제28항에 있어서, 서열식별번호: 436의 불변 영역 서열을 포함하는 인간 IgG4 항체인 항체.

청구항 30

제1항 내지 제25항 중 어느 한 항에 있어서, 항체가 카파 (κ) 경쇄 불변 영역을 포함하고, 바람직하게는 여기서 카파 (κ) 경쇄 불변 영역 서열이 서열식별번호: 448인 항체.

청구항 31

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 정의된 바와 같은 항체의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함하는 핵산.

청구항 32

제31항의 핵산을 포함하는 벡터로서; 임의로 CHO 벡터인 벡터.

청구항 33

제31항의 핵산 또는 제32항의 벡터를 포함하는 숙주 세포.

청구항 34

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체 및 제약상 허용되는 부형제를 포함하는 제약 조성물.

청구항 35

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체를 코딩하는 단리된 핵산 또는 제31항의 단리된 핵산 및 제약상 허용되는 부형제를 포함하는 제약 조성물.

청구항 36

제34항 또는 제35항에 있어서, 정맥내, 근육내 또는 피하 투여를 위해 제제화된 제약 조성물.

청구항 37

제34항 내지 제36항 중 어느 한 항에 있어서, 적어도 1종의 추가의 치료제를 추가로 포함하는 제약 조성물.

청구항 38

제37항에 있어서, 추가의 치료제가 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체인 제약 조성물.

청구항 39

제38항에 있어서, 적어도 1종의 추가의 항체가 하기로부터 선택된 것인 제약 조성물:

a. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

b. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

c. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

d. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

e. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

청구항 40

제34항 내지 제39항 중 어느 한 항의 제약 조성물을 포함하는 키트.

청구항 41

제40항에 있어서, 적어도 1종의 추가의 치료제를 추가로 포함하는 키트.

청구항 42

제41항에 있어서, 추가의 치료제가 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체를 포함하는 추가의 제약 조성물인 키트.

청구항 43

제42항에 있어서, 적어도 1종의 추가의 항체가 하기로부터 선택된 것인 키트:

a. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

b. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

c. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

d. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

e. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

청구항 44

제40항 내지 제43항 중 어느 한 항에 있어서, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19를 치료 및/또는 예방하기 위한 사용에 대한 라벨 또는 지침서를 추가로 포함하고; 임의로 여기서 라벨 또는 지침서는 시판 허가 번호 (예를 들어, FDA 또는 EMA 허가 번호)를 포함하고; 임의로 여기서 키트는 항체 또는 단편을 포함하는 IV 또는 주사 장치를 포함하는 것인 키트.

청구항 45

제1항 내지 제30항 및 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 의약으로서 사용하기 위한 항체 또는 조성물.

청구항 46

제1항 내지 제30항 및 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 환자에게 항체 또는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 항체 또는 조성물.

청구항 47

제1항 내지 제30항 및 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 환자에게 항체 또는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위한 항체 또는 조성물.

청구항 48

SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 의약의 제조에서의 제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체 또는 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 따른 조성물의 용도.

청구항 49

SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위한 의약의 제조에서의 제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체 또는 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 따른 조성물의 용도.

청구항 50

인간에게 치료 유효량의 제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체 또는 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 따른 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법.

청구항 51

인간에게 치료 유효량의 제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체 또는 제34항 내지 제39항 중 어느 한 항에 따른 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법.

청구항 52

제46항 내지 제51항 중 어느 한 항에 있어서,

SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태가 COVID-19인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

청구항 53

제46항 내지 제52항 중 어느 한 항에 있어서,

상기 방법이 적어도 1종의 추가의 치료제를 투여하는 것을 추가로 포함하는 것인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

청구항 54

제46항 내지 제53항 중 어느 한 항에 있어서,

추가의 치료제의 투여가 동시, 개별 또는 순차적인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

청구항 55

제46항 내지 제54항 중 어느 한 항에 있어서,

추가의 치료제가 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

청구항 56

제46항 내지 제55항 중 어느 한 항에 있어서,

적어도 1종의 추가의 항체가 하기로부터 선택된 것인 항체, 조성물, 용도 또는 방법:

a. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

b. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

c. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

d. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

e. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

청구항 57

샘플 내 SARS-CoV-2의 존재 또는 부재를 결정하기 위한 제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체의 용도.

청구항 58

샘플 내 SARS-CoV-2의 존재 또는 부재를 결정하는 방법으로서,

샘플을 제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체와 접촉시키는 단계; 및

샘플 내 항체와 SARS-CoV-2 사이의 결합을 시험하는 단계

를 포함하며, 여기서 결합의 검출은 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재를 나타내고, 여기서 결합의 부재는 샘플 내 SARS-CoV-2의 부재를 나타내는 것인 방법.

청구항 59

제57항 또는 제58항에 있어서, 항체가 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 것인 용도 또는 방법.

청구항 60

제57항 내지 제59항 중 어느 한 항에 있어서, 샘플이 SARS-CoV-2로 감염되었거나 또는 감염된 것으로 의심되고/거나 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19의 1종 이상의 증상을 나타내는 인간으로부터 수득된 것인 용도 또는 방법.

청구항 61

제57항 내지 제60항 중 어느 한 항에 있어서, 샘플이 혈청, 혈장 또는 전혈 샘플, 또는 경구 또는 비강 스왑, 소변, 대변 또는 뇌척수액 (CFS)이거나, 또는 샘플이 임의의 의심되는 SARS-CoV-2 감염된 기관 또는 조직으로부터의 것인 용도 또는 방법.

청구항 62

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체 및 임의로 1종 이상의 완충 용액을 포함하는, 제57항 및 제59항 내지 제61항 중 어느 한 항에 제시된 바와 같은 용도 또는 제58항 내지 제61항 중 어느 한 항에 제시된 바와 같은 방법을 위한 진단 키트.

청구항 63

제62항에 있어서, 항체가 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 것인 진단 키트.

청구항 64

제62항에 있어서,

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 항체를 포함하는 제1 시약, 및

제1 시약에 결합하는 검출기 분자를 포함하는 제2 시약

을 포함하는 진단 키트.

청구항 65

제64항에 있어서, 검출기 분자가 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 항체인 진단 키트.

청구항 66

SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 제1 항체; 및

SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 제2 항체

를 포함하는 키트 또는 제약 조성물.

청구항 67

제66항에 있어서, 45% 이상 또는 50% 이상의 합포체 형성 억제가 가능한 키트 또는 제약 조성물.

청구항 68

제66항 또는 제67항에 있어서, 제1 항체가 제1항 내지 제11항 중 어느 한 항에 따른 항체인 키트 또는 제약 조성물.

청구항 69

제66항 또는 제67항에 있어서, 제1 항체가 IMPI-059이거나 또는 표 1a에 제시된 바와 같은 IMPI-059의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체인 키트 또는 제약 조성물.

	IMPI-059
VH	SEQ ID No: 53
VL	SEQ ID No: 58
HCDR1	SEQ ID No: 54
HCDR2	SEQ ID No: 55
HCDR3	SEQ ID No: 56
LCDR1	SEQ ID No: 59
LCDR2	SEQ ID No: 28
LCDR3	SEQ ID No: 60

청구항 70

제66항 내지 제69항 중 어느 한 항에 있어서, 제2 항체가 제12항 내지 제17항 중 어느 한 항에 따른 항체인 키트 또는 제약 조성물.

청구항 71

제70항에 있어서, 제2 항체가 YANG-2204, YANG-2206 또는 YANG-2207이거나 또는 표 1b에 제시된 바와 같은 YANG-2204, YANG-2206 또는 YANG-2207의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체인 키트 또는 제약 조성물.

청구항 72

제66항 내지 제71항 중 어느 한 항에 있어서, 환자에게 제1 및 제2 항체 또는 제1 및 제2 항체를 포함하는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 것이며, 임의

로 여기서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 COVID-19인 키트 또는 제약 조성물.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 본 발명은 범유행성 코로나바이러스 감염성 질환 2019 (COVID-19)를 유발하는 코로나바이러스 균주인 중증 급성 호흡기 증후군 코로나바이러스 2 (SARS-CoV-2)의 스파이크 단백질 (S)에 결합하는 항체, 및 SARS-CoV-2 관련 질환, 특히 COVID-19의 진단, 예방 및 치료에서의 그의 용도에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0002] 새로운 범유행성 코로나바이러스인 중증 급성 호흡기 증후군 코로나바이러스 2 (SARS-CoV-2)는 중국에서 2019년 10월 내지 11월에 인간에게 가끔 출현하였고, 질환인 코로나바이러스 감염성 질환-2019 (COVID-19)는 중국에서 2019년 12월에 확인되었다. SARS-CoV-2는 인간에서 COVID-19를 유발한다. 많은 사람들에서 무증상 또는 경도 감염이긴 하지만, 바이러스는 상당수의 사람, 특히 고령자 및 기저 동반이환을 갖는 자에서 중증 호흡기 질환 및 사망을 유발할 수 있다. 모든 알려진 인간 호흡기 병원체에 대해 음성인 새로운 인간 폐렴을 처음 인식하게 된 것은 중국 우한의 병원에서의 관련 증상과 함께 우한의 '웻 마켓'에 대한 통상의 역학적 연관성을 인식하면서 이루어졌다. 새로운 코로나바이러스 게놈의 신속한 확인 및 특이적이고 민감한 바이러스 검출 진단의 개발은 우한, 이어서 중국의 다른 지역 및 주변 이웃 국가에서 바이러스의 폭발적 확산을 인식하도록 했다.

[0003] 2020년 9월 2일 현재, SARS-CoV-2는 전세계에 걸쳐 확산되어 추정컨대 ~2천5백만명의 사람을 감염시킴으로써 861,000명의 사망을 유발하였으며, 명목상 감염 치명률 (IFR)이 ~3%로 산출된다. 이 수치는 숨겨진, 무증상 또는 경도 및 비-진단된 사례로 인해 과대추정치일 가능성이 있다. 진정한 감염 치명률은 계산하기 어렵지만, 현재의 추정치는 0.1-1% 범위이다.

[0004] COVID-19는 감염된 사람의 약 80%에서 경도 내지 중등도의 자기-제한적 질환일 수 있다. 이들 사람들은 열, 근육통, 마른 지속성 기침 및 숨가쁨의 증상을 경험한다. 이 질환 과정은 통상적으로 7-10일 내에 완료되지만, 완전한 건강으로의 회복은 더 오래 걸릴 수 있다. 그러나, 사례의 ~20%에서, 보다 공격성이고 중증인 질환이 발생하며, 증상 발병으로부터 급속하게 진행되거나 또는 회복이 분명히 시작되었을 때인 중등도 감염의 초기 7-10일부터 급속하게 감소된다. 이러한 심각한 질환은 림프구감소증, 혈액 중 상승된 트로포닌 및 D-이량체 수준 및 경화된 또는 미만성 양측 (양쪽 폐) '간 유리' 폐렴 둘 다와 연관된다. 이들 사례 중 다수는 호흡 지원이 요구되고, 심각한 사례의 ~20-25%는 위독하게 된다. 중환자에 대한 IFR은 역사적으로 ~40%-50%이며, 이는 전체 IFR이 감염된 것으로 진단된 사람 100명당 1-2명인 것과 일치한다. 최근, SARS-CoV-2에 의한 감염의 장기간 결과, 소위 롱-COVID가 분명해지고 있으며, 이는 입원 여부에 관계없이 환자가 경험하는 재발 증상을 특징으로 하고, 호흡기계, 뇌, 심혈관계 및 심장, 신장, 장, 간 및 피부에 영향을 미친다. 증상은 강도 및 지속기간이 다양할 수 있고, 그의 초기 감염으로부터 회복된 사람의 10-15%에 영향을 미치는 것으로 추정된다.

[0005] SARS-CoV-2는 2002 SARS-CoV와 밀접하게 관련된 베타 코로나바이러스이다. 2002년의 SARS-CoV는 8,098명의 사람을 감염시켜 774명의 사망을 유발하였다 (IFR 9.5%). SARS-CoV는 2004년 이래로 나타나지 않았고, 공격적인 감염 제어 조치 및 격리에 의해 제어되었다.

[0006] 보다 멀리 관련된 베타 코로나바이러스인 중동 호흡기 증후군 코로나바이러스 (MERS-CoV)는 사우디 아라비아에서 2012년에 출현하였다. MERS-CoV에 의한 감염은 병원소 동물 종인 낙타로부터 인간으로의 진행 중인 인수공통 (동물에서 인간으로의) 감염의 결과로서 중동에서 계속 발생하고 있다. IRF 35%로서의 MERS-CoV 및 2012년 4월 이래로 2,400건 초과 사례의 중동 호흡기 증후군 코로나바이러스 (MERS-CoV)가 27개 국가에서 검출되었다.

[0007] SARS-CoV-2, SARS-CoV 및 MERS-CoV는 유행성/범유행성 코로나바이러스를 나타낸다. 그러나, 4종의 풍토병성 코로나바이러스 (NL63, 229E, OC43 및 HKU1)도 또한 소아기 및 성인 생애 전반에 걸쳐 인간을 감염시켜 경도 상기도 감염을 유발하지만 때때로는 중증 생명-위협적 질환을 유발한다. 현재의 견해는 SARS-CoV-2가 제5 계절성 풍토병성 인간 코로나바이러스가 되는 경로 상에 있다는 것을 시사한다.

[0008] SARS-CoV-2 바이러스 입자의 주요 성분은 외부-배향된 스파이크 단백질 및 뉴클레오캡시드 단백질로 랩핑된 바이러스 RNA 게놈이다. 스파이크 단백질은 바이러스 입자의 지질 막에 포매된 삼량체 바이러스 단백질이다. 바이러스 감염은 스파이크 단백질이 세포의 안지오텐신 전환 효소 2 (ACE2) 수용체에 결합하여 바이러스가 세포 내로 내재화되도록 할 때 개시된다. 바이러스의 세포 내로의 가장 가능성 있는 경로는 세포의 엔도솜 경로로의

수용체 매개된 세포 흡수를 통한 것이며, 여기서 바이러스는 활성화 세포 프로테아제 (카텝신)와 마주친다. 이 세포 효소는 스파이크를 단백질분해적으로 절단하여 바이러스 지질 외피와 엔도솜의 지질 쉘 사이의 막 융합 사건을 촉발함으로써, 바이러스 게놈의 세포 세포질 내로의 진입을 유발한다. 세포 세포질에 있으면, 바이러스는 그의 게놈의 다수의 새로운 카피를 만드는 과정을 시작하면서, 동시에 바이러스 단백질의 새로운 카피를 만든다. 이들 새로운 단백질 및 게놈은 바이러스 입자로 조립되어 내형질 세망으로 불리는 세포의 구조 내로 버딩하고, 여기서 작은 소포 내로 핀치 오프되어 세포 표면으로 수송됨으로써 새로운 바이러스 입자가 감염된 세포의 외부로 방출된다. 이어서, 이들 새로운 바이러스 입자는 보다 많은 세포를 자유롭게 감염시킨다. 추가로, 세포 표면 상의 TMPRSS2의 존재는 ACE-2 결합 후 스파이크를 단백질분해적으로 절단하여 형질 막에서의 막 융합을 촉발시킬 수 있다.

[0009] 바이러스 생활 주기는 화학요법 개입의 지점을 제공한다. 현재 유일한 직접 작용 항바이러스제 (DAA)는 바이러스 게놈을 복제하는 효소인 바이러스 RNA 의존성 RNA 폴리머라제를 억제하는 아데노신 뉴클레오티드 유사체인 렘데시비르 (길리아드(Gilead))이다. 렘데시비르의 임상 유용성은 명확하지 않고, 다른 호흡기 병원체, 예컨대 인플루엔자 A 바이러스 및 호흡기 세포융합 바이러스 (RSV)에 대한 항바이러스 약물 경험은, 렘데시비르와 같은 약물이 제한된 용도를 가지며, 감염에서 매우 초기에 취해지는 경우에 효능이 최적이라는 것을 시사한다. 이는 실제로 SARS-CoV-2에서 달성하는 것이 거의 불가능한데, 이 약물이 가장 큰 영향을 미칠 때인 감염 시점에는 사람이 증상을 나타내지 않기 때문이다. 따라서, 잠재적으로 렘데시비르의 활성 프로파일은 인플루엔자 A 약물인 오셀타미비르 및 자나미비르와 유사한 것으로 입증될 것이며, 여기서 중증 질환에 대한 그의 효과는 제한되고, 사례 접촉의 화학예방은 사람들의 가정으로의 대량 배치 없이는 제한되며, 제한된 안전성 프로파일을 갖는 렘데시비르와 같은 새로운 약물에서는 일어날 가능성이 없는 것이다. 연구가 진행됨에 따라 다른 소분자 항바이러스 약물이 출현할 것으로 예상된다. 특히, 바이러스 프로테아제는 매력적인 표적이다. 그러나, 이러한 억제제는 모두, 대부분의 경우에 증상 발병 전에 또는 발병 시점에 발생하는 제한된 최적 효능 창을 겪을 가능성이 있다.

[0010] 심각한 질환의 임상 관리는 진행 중인 계획된 임상 시험의 대상이며, 이는 이미 다수의 실패 및 한 번의 성공을 나타냈다. 예를 들어, 클로로퀸과 유사한 항말라리아 약물인 히드록시클로로퀸은 다수의 임상 시험에서 임상 효과를 나타내지 못했다. 추가로, 시토카인 방출 증후군 (CRS)의 치료에 사용되는 항-IL6 수용체 항체 토실리주맙 (제넨테크(Genentech)) 및 사릴루맙 (항-IL6 수용체 항체, 레게네론(Regeneron))은 임상 효능을 나타내지 못했다. 그러나, 스테로이드성 항염증 약물인 덱사메타손은 중증 COVID-19를 치료하는 데 임상 효능을 나타냈다.

[0011] 중환자 관리의 변화는 또한 인공호흡기에 대한 접근의 규모확대 (서지 용량) 또는 호흡기 지원의 형태로서 연속식 기도 양압 (CPAP)의 제공을 통해 효과를 가질 것이다. CPAP는 완전한 인공호흡을 필요로 하지 않으면서 중증 COVID-19로부터 생존하는 사람의 능력에 대해 긍정적인 임상 효과를 갖는 것으로 보고되어 있다. 추가로, 인공호흡 환자의 프로닝은 질환의 임상 경과를 개선시킨다.

[0012] 감염성 질환 과정의 통상의 과정은 다음과 같다:

[0013] 1. 감염된다.

[0014] 2. 신체에서 바이러스가 복제되고, 선천성 면역 반응이 초기 비제어된 복제를 제한하기 위해 비-특이적으로 시도하는 시스템을 제공한다.

[0015] 3. 신체 내에서 새로운 바이러스 감염에 특이적인 B 세포 및 T 세포의 생산을 구동하는 적응 면역 반응이 개시된다.

[0016] 4. 바이러스 특이적 B 세포가 신체에서 증식하고, 항체, 그의 이펙터 분자를 분비한다.

[0017] 5. 바이러스 특이적 T 세포가 신체에서 증식하여 감염된 세포를 사멸시킨다.

[0018] SARS-CoV-2에 의한 감염은 바이러스 단백질에 특이적으로 결합하는 항체 및 T 세포의 유도와 함께 적응 면역 반응을 유발한다. 적응 면역계는 신체 내 바이러스 복제 시점으로부터 약 7-10일 내에 감염을 제어하는 데 의미있는 효과를 갖기 시작하여, 약 10-14일에 그의 피크 활성에 도달한다.

[0019] 스파이크 단백질

[0020] 스파이크 단백질은 3개의 단량체의 삼량체이다. 각각의 단량체는 약 180kDa이고, 각각 부착 및 막 융합을 매개하는 2개의 서브유닛 S1 및 S2를 함유한다. S1의 N- 및 C-말단 부분은 독립적 도메인인 N-말단 도메인 (NTD),

수용체 결합 도메인 (RBD) 및 S2 서브유닛과 회합하는 C-말단 도메인 (C-도메인)으로서 폴딩된다. 도 1은 삼량체 스파이크 단백질의 단일 단량체를 도시한다. 단량체는 단일 폴리펩티드로서 번역되고, 이는 서브유닛 S1 및 S2로 단백질분해적으로 절단되고, 이는 비-공유적으로 회합된다. 야생형 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 아미노산 서열이 도 2a에 제공되고, (야생형과 비교하여) 이중 프롤린 (PP) 돌연변이 (K986 및 V987)를 함유하는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 아미노산 서열이 도 2b에 제공된다.

[0021] 코로나바이러스 S 단백질은 전형적인 부류 I 바이러스 융합 단백질이고, 프로테아제 절단이 S 단백질의 융합 잠재력의 활성화에 요구된다. SARS-CoV-2에 대해 발생하는 것으로 생각되는 바와 같은 2-단계 순차적 프로테아제 절단 모델에서, S1과 S2 사이에 프라이밍 절단이 발생하고, S2' 절단 부위에서 활성화 절단이 발생한다. 추가로, 각각의 삼량체의 RBD는 동적이며, '업' 또는 '다운' 배위로 존재한다. 업 상태는 ACE2 수용체 결합에 요구된다. 따라서, 삼량체 스파이크는 모든 3개의 RBD가 다운, 2개는 다운이고 1개는 업, 1개는 다운이고 2개는 업 또는 모든 3개의 RBD가 업으로 존재할 수 있다. 삼량체 내 각각의 RBD는 그의 업 상태에서 ACE2에 결합하여 감염을 개시할 수 있다.

발명의 내용

[0022] 본 발명자들은 SARS-CoV-2의 스파이크 단백질에 결합하고 바이러스 감염을 치료 또는 예방하기 위한 의약으로서의 개발에 적합한 특성을 갖는 모노클로날 항체를 발견하였다. 본 발명의 모노클로날 항체는 SARS-CoV-2의 스파이크 단백질 상의 결합 위치, SARS-CoV-2의 스파이크 단백질에 대한 결합 친화도 및/또는 SARS-CoV-2의 중화 효력을 포함한 유리한 특성들의 조합을 나타낸다. 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가 특히 슈도바이러스 검정 및/또는 생 바이러스 검정에서 시험관내에서 SARS-CoV-2를 중화시킨다는 것을 입증한다. 본원에 기재된 중화 항체, 즉 SARS-CoV-2를 중화시키는 항체는 일반적으로 SARS-CoV-2가 ACE2 수용체를 발현하는 세포, 예를 들어 폐 상피 세포에 진입하는 것을 억제 또는 방지하는 것으로 이해될 것이다. 항체는, 예를 들어 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁함으로써 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다.

[0023] 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가 SARS-CoV-2를 중화시키고 SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합한다는 것을 추가로 입증한다. 이러한 항체는 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁할 수 있거나 경쟁하지 않을 수 있고, 따라서 SARS-CoV-2가 그의 수용체 ACE2에 결합하는 것을 직접적으로 억제할 수 있거나 억제하지 않을 수 있다.

[0024] 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합한다는 것을 추가로 입증한다. 이러한 항체는 일반적으로 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않는다.

[0025] 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가 SARS-CoV-2를 중화시키고 SARS-CoV-2의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합한다는 것을 추가로 입증한다. 이러한 항체는 일반적으로 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않는다.

[0026] 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가 SARS-CoV-2를 중화시키고 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합한다는 것을 추가로 입증한다. 이러한 항체는 일반적으로 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않는다.

[0027] 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가, 특히 표면 플라즈몬 공명 (SPR) 검정 (예를 들어 비아코어(Biacore) SPR 검정)을 사용하여 측정했을 때, SARS-CoV-2에 대한 높은 친화도 (예컨대 10^{-9} M 이하의 KD 또는 심지어 $5x10^{-10}$ M, $1x10^{-10}$ M (0.1nM) 또는 그 미만의 KD)를 갖는다는 것을 추가로 입증한다.

[0028] 본 발명자들은 본원에서 예시적인 항체가, 특히 슈도바이러스 검정에서 시험관내에서 높은 효력으로 (예컨대 1nM 이하의 IC50, 100pM 이하의 IC50, 50pM 이하의 IC50, 10pM 이하의 IC50 또는 심지어 5pM 이하의 IC50으로) SARS-CoV-2를 중화시킨다는 것을 입증한다.

[0029] 본 발명의 목적은 이러한 모노클로날 항체의 투여를 통해 중증 및 중대 질환 및 사망의 발생률을 감소시키는 것이다.

[0030] 본 발명의 모노클로날 항체의 투여는 예방제로서 또는 치료제로서 사용될 수 있다. 본 발명의 모노클로날 항체는 또한 진단에 사용될 수 있다.

[0031] 군 A - 경쟁 RBD 결합제:

[0032] 제1 측면에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, SARS-CoV2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체를 제공한다.

[0033] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합한다.

[0034] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[0035] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시킨다.

[0036] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0037] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-0060, IMPI-006, IMPI-037 또는 IMPI-028의 HCDR3이다.

[0038] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0039] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 HCDR3이다.

[0040] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-006, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 HCDR3이다.

[0041] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-006, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 HCDR3이다.

[0042] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 HCDR3이다.

[0043] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 HCDR3이다.

[0044] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 HCDR3이다.

[0045] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 HCDR3이다.

[0046] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 HCDR3이다.

[0047] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029 또는 IMPI-055의 HCDR3이다.

[0048] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-029의 HCDR3이다.

[0049] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-056의 HCDR3이다.

[0050] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-005의 HCDR3이다.

[0051] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-012의 HCDR3이다.

[0052] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-052의 HCDR3이다.

[0053] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-002의 HCDR3이다.

[0054] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-041의 HCDR3이다.

[0055] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-036의 HCDR3이다.

[0056] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-055의 HCDR3이다.

[0057] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-054의 HCDR3이다.

[0058] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-042의 HCDR3이다.

[0059] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-021의 HCDR3이다.

[0060] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-004의 HCDR3이다.

[0061] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-047의 HCDR3이다.

[0062] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-017의 HCDR3이다.

[0063] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-059의 HCDR3이다.

[0064] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-060의 HCDR3이다.

[0065] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-006의 HCDR3이다.

[0066] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-037의 HCDR3이다.

[0067] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-028의 HCDR3이다.

[0068] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0069] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0070] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-037 또는 IMPI-028의 것인 항체를 제공한다.

[0071] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0072] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0073] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 것인 항체를 제공한다.

[0074] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0075] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보

성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0076] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-037 또는 IMPI-028의 것인 항체를 제공한다.

[0077] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0078] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0079] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 것인 항체를 제공한다.

[0080] 제1 측면의 한 실시양태에서, CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-037 또는 IMPI-028의 것이다.

[0081] 제1 측면의 한 실시양태에서, CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 것이다.

[0082] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055, IMPI-006 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 것이다.

[0083] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055, IMPI-006 또는 IMPI-059의 것이다.

[0084] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 것이다.

[0085] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 것이다.

[0086] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 것이다.

[0087] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 것이다.

[0088] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 것이다.

[0089] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 것이다.

[0090] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-029의 CDR을 갖는다.

[0091] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-056의 CDR을 갖는다.

[0092] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-005의 CDR을 갖는다.

[0093] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-012의 CDR을 갖는다.

[0094] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-052의 CDR을 갖는다.

[0095] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-002의 CDR을 갖는다.

[0096] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-041의 CDR을 갖는다.

[0097] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-036의 CDR을 갖는다.

[0098] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-055의 CDR을 갖는다.

[0099] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-054의 CDR을 갖는다.

[0100] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-042의 CDR을 갖는다.

[0101] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-021의 CDR을 갖는다.

[0102] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-004의 CDR을 갖는다.

[0103] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-047의 CDR을 갖는다.

[0104] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-017의 CDR을 갖는다.

[0105] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-059의 CDR을 갖는다.

[0106] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-060의 CDR을 갖는다.

[0107] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-006의 CDR을 갖는다.

[0108] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-037의 CDR을 갖는다.

[0109] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-028의 CDR을 갖는다.

[0110] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-037 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0111] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0112] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055, IMPI-006 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0113] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각,

임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055, IMPI-006 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0114] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0115] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0116] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0117] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0118] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시키고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0119] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시키고, 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0120] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0121] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는,

항체 IMPI-056의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-056의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0122] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-005의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-005의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0123] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-012의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-012의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0124] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-052의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-052의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0125] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-002의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-002의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0126] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-041의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-041의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0127] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-036의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-036의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0128] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-055의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-055의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0129] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-054의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-054의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0130] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-042의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-042의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0131] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-021의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-021의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0132] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0133] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-047의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-047의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0134] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-017의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-017의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0135] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-059의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0136] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-060의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-060의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0137] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-006의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-006의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0138] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-037의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-037의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0139] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-028의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0140] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-037, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0141] 단 항체는 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-037, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 CDR을 갖는다.

[0142] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0143] 단 항체는 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 CDR을 갖는다.

[0144] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-006, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0145] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-006, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 CDR을 갖는다.

[0146] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-006, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0147] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-006, IMPI-055 또는 IMPI-059의 CDR을 갖는다.

[0148] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄

(VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0149] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 CDR을 갖는다.

[0150] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0151] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 CDR을 갖는다.

[0152] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0153] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 CDR을 갖는다.

[0154] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0155] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 CDR을 갖는다.

[0156] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시키고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0157] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 CDR을 갖는다.

[0158] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시키고, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0159] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 CDR을 갖는다.

[0160] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-029의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-029의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-029의 CDR을 갖는다.

[0161] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-056의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-056의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-056의 CDR을 갖는다.

[0162] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-005의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-005의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일

성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-005의 CDR을 갖는다.

[0163] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-012의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-012의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-012의 CDR을 갖는다.

[0164] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-052의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-052의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-052의 CDR을 갖는다.

[0165] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-002의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-002의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-002의 CDR을 갖는다.

[0166] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-041의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-041의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-041의 CDR을 갖는다.

[0167] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-036의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-036의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-036의 CDR을 갖는다.

[0168] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-055의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-055의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-055의 CDR을 갖는다.

[0169] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-054의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-054의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-054의 CDR을 갖는다.

[0170] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-042의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-042의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-042의 CDR을 갖는다.

[0171] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-021의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-021의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-021의 CDR을 갖는다.

[0172] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-004의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-004의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-004의 CDR을 갖는다.

[0173] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-047의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-047의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-047의 CDR을 갖는다.

[0174] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-017의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-017의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-017의 CDR을 갖는다.

[0175] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-059의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-059의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-059의 CDR을 갖는다.

[0176] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-059의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-060의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-060의 CDR을 갖는다.

[0177] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-059의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을

갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-006의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-006의 CDR을 갖는다.

[0178] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-059의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-037의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-037의 CDR을 갖는다.

[0179] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-028의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-028의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-028의 CDR을 갖는다.

[0180] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-037, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0181] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0182] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[0183] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-037, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0184] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[0185] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0186] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-029의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0187] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-056의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0188] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-005의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0189] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-012의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0190] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-052의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0191] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-002의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0192] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-041의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0193] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-036의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0194] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-055의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0195] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-054의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0196] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-042의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0197] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-021의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0198] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-004의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0199] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-047의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0200] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-017의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0201] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0202] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-060의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0203] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-006의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0204] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-037의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0205] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-028의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0206] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 IMPI-037과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0207] 한 실시양태에서, 항체 IMPI-037과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0208] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[0209] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0210] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0211] V 유전자 절편은 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01이고/거나;

[0212] J 유전자 절편은 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02이거나, 또는

[0213] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0214] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나,

[0215] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나,

[0216] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나,

[0217] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02와 정렬된다.

[0218] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0219] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[0220] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬된다.

[0221] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02와 정렬된다.

[0222] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[0223] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0224] V 유전자 절편은 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01이고/거나,

[0225] J 유전자 절편은 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01이거나; 또는

[0226] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0227] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0228] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0229] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0230] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01과 정렬된다.

[0231] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[0232] V 유전자 절편은 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01이고, 임의로

[0233] J 유전자 절편은 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01이다.

[0234] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 이 군 A 섹션에서 확인된 어느 하나의 개별 IMPI 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[0235] 추가의 경쟁 RBD 결합제

[0236] 본 발명의 제1 측면에 따르면, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 추가의 항체가 본원에 제공된다. 예를 들어, 본원에 예시된 바와 같은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-21081, YANG-2109, YANG-2110 및 YANG-2111은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 것으로 밝혀졌다.

[0237] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0238] 여기서 HCDR3은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-21081, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0239] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0240] 여기서 HCDR3은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0241] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1101의 HCDR3이다.

[0242] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1103의 HCDR3이다.

[0243] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1105의 HCDR3이다.

[0244] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1106의 HCDR3이다.

[0245] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1107의 HCDR3이다.

[0246] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1108의 HCDR3이다.

[0247] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1109의 HCDR3이다.

[0248] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1110의 HCDR3이다.

[0249] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1112의 HCDR3이다.

[0250] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1113의 HCDR3이다.

[0251] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1114의 HCDR3이다.

[0252] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1115의 HCDR3이다.

[0253] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1116의 HCDR3이다.

[0254] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1117의 HCDR3이다.

[0255] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1118의 HCDR3이다.

[0256] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1119의 HCDR3이다.

[0257] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2101의 HCDR3이다.

[0258] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2102의 HCDR3이다.

[0259] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2103의 HCDR3이다.

[0260] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2104의 HCDR3이다.

[0261] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2105의 HCDR3이다.

[0262] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2106의 HCDR3이다.

[0263] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2107의 HCDR3이다.

[0264] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2108의 HCDR3이다.

[0265] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2109의 HCDR3이다.

[0266] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2110의 HCDR3이다.

[0267] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0268] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, HCDR3은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0269] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, HCDR3은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0270] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, HCDR3은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0271] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-1112,

YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0272] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 HCDR3이다.

[0273] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0274] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0275] 여기서 CDR은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 것인 항체를 제공한다.

[0276] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0277] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0278] 여기서 CDR은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 것인 항체를 제공한다.

[0279] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1101의 CDR을 갖는다.

[0280] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1103의 CDR을 갖는다.

[0281] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1105의 CDR을 갖는다.

[0282] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1106의 CDR을 갖는다.

[0283] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1107의 CDR을 갖는다.

[0284] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1108의 CDR을 갖는다.

[0285] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1109의 CDR을 갖는다.

[0286] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1110의 CDR을 갖는다.

[0287] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1112의 CDR을 갖는다.

[0288] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1113의 CDR을 갖는다.

[0289] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1114의 CDR을 갖는다.

[0290] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1115의 CDR을 갖는다.

[0291] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1116의 CDR을 갖는다.

[0292] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1117의 CDR을 갖는다.

[0293] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1118의 CDR을 갖는다.

[0294] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1119의 CDR을 갖는다.

[0295] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2101의 CDR을 갖는다.

[0296] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2102의 CDR을 갖는다.

[0297] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2103의 CDR을 갖는다.

[0298] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2104의 CDR을 갖는다.

[0299] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2105의 CDR을 갖는다.

[0300] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2106의 CDR을 갖는다.

[0301] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2107의 CDR을 갖는다.

[0302] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2108의 CDR을 갖는다.

[0303] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2109의 CDR을 갖는다.

[0304] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2110의 CDR을 갖는다.

[0305] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0306] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, CDR은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 것이다.

[0307] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, CDR은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 것이다.

[0308] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, CDR은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 것이다.

[0309] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, CDR은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 것이다.

[0310] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 것이다.

[0311] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 것이다.

[0312] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0313] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0314] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1101의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1101의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0315] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1103의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1103의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0316] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1105의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1105의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0317] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1106의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1106의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0318] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1107의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1107의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0319] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1108의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1108의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0320] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1109의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1109의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0321] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1110의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1110의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0322] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0323] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1113의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1113의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0324] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1114의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1114의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0325] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1115의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1115의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0326] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1116의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1116의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0327] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는,

항체 YANG-1117의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1117의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0328] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1118의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1118의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0329] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1119의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1119의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0330] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2101의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2101의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0331] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2102의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2102의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0332] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2103의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2103의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0333] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2104의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2104의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0334] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2105의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2105의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0335] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2106의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2106의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0336] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2107의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2107의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0337] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2108의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2108의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0338] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2109의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2109의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0339] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2110의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2110의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0340] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2111의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0341] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0342] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성

결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0343] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0344] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0345] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0346] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0347] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0348] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0349] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0350] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0351] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0352] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-

2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0353] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0354] 단 항체는 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b의 CDR을 갖는다.

[0355] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0356] 단 항체는 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0357] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1101의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1101의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1101의 CDR을 갖는다.

[0358] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1103의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1103의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1103의 CDR을 갖는다.

[0359] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1105의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1105의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1105의 CDR을 갖는다.

[0360] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1106의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1106의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1106의 CDR을 갖는다.

[0361] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1107의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1107의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1107의 CDR을 갖는다.

[0362] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1108의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1108의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1108의 CDR을 갖는다.

[0363] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1109의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1109의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1109의 CDR을 갖는다.

[0364] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1110의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1110의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1110의 CDR을 갖는다.

[0365] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1112의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1112의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동

일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1112의 CDR을 갖는다.

[0366] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1113의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1113의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1113의 CDR을 갖는다.

[0367] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1114의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1114의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1114의 CDR을 갖는다.

[0368] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1115의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1115의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1115의 CDR을 갖는다.

[0369] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1116의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1116의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1116의 CDR을 갖는다.

[0370] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1117의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1117의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1117의 CDR을 갖는다.

[0371] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1118의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1118의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1118의 CDR을 갖는다.

[0372] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1119의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1119의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1119의 CDR을 갖는다.

[0373] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2101의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2101의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2101의 CDR을 갖는다.

[0374] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2102의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2102의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2102의 CDR을 갖는다.

[0375] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2103의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2103의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2103의 CDR을 갖는다.

[0376] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2104의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2104의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2104의 CDR을 갖는다.

[0377] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2105의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2105의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2105의 CDR을 갖는다.

[0378] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2106의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2106의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2106의 CDR을 갖는다.

[0379] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2107의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2107의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2107의 CDR을 갖는다.

[0380] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2108의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을

갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2108의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2108의 CDR을 갖는다.

[0381] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2109의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2109의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2109의 CDR을 갖는다.

[0382] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2110의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2110의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2110의 CDR을 갖는다.

[0383] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2111의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2111의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0384] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0385] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0386] 단 항체는 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b의 CDR을 갖는다.

[0387] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0388] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0389] 단 항체는 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b의 CDR을 갖는다.

[0390] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0391] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0392] 단 항체는 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0393] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며,

[0394] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0395] 단 항체는 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0396] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0397] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0398] 단 항체는 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0399] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하며, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 60% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0400] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0401] 단 항체는 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 CDR을 갖는다.

[0402] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체로서,

[0403] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0404] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체로서,

[0405] 여기서 항체는 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0406] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1101의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0407] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1103의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0408] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1105의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0409] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1106의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0410] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1107의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0411] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1108의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0412] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1109의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0413] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1110의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0414] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1112의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0415] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1113의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0416] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1114의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0417] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1115의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0418] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1116의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0419] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1117의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0420] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1118의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0421] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1119의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0422] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2101의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0423] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2102의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0424] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2103의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0425] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2104의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0426] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2105의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0427] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2106의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0428] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2107의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0429] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2108의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0430] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2109의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0431] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2110의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0432] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2111의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0433] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-21081, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0434] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0435] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1101의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0436] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1103의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0437] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1105의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0438] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1106의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0439] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1107의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0440] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1108의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0441] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1109의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0442] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1110의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0443] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1112의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0444] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1113의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0445] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1114의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0446] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1115의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0447] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1116의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0448] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1117의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0449] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1118의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0450] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1119의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0451] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2101의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0452] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2102의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0453] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2103의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0454] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2104의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0455] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2105의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0456] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2106의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0457] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2107의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0458] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2108의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0459] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2109의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0460] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2110의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0461] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2111의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0462] 본원의 어느 곳에 기재된 항체와 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD 상의 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0463] 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 항체 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0464] 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 항체 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0465] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1101과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0466] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1103과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0467] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1105와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0468] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1106과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0469] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1107과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0470] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1108과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0471] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1109와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0472] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1110과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0473] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1112와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0474] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1113과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0475] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1114와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0476] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1115와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0477] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1116과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0478] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1117과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0479] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1118과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0480] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1119와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0481] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2101과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0482] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2102와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0483] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2103과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0484] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2104와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0485] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2105와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0486] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2106과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0487] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2107과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0488] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2108과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0489] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2109와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0490] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2110과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0491] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2111과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0492] 항체는 본원의 어느 곳에 개시된 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이, 항체 사이의 경쟁은, 예를 들어 SPR을 사용하여 결정될 수 있고, 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원의 어느 곳에 기재된 바와 같은 IgG 항체와 경쟁하는 (그의 에피토프에의 결합에 대해 경쟁하는) 항체가 제공된다.

[0493] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-RBD 항체, 예컨대, 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0494] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1101과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0495] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1103과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0496] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1105와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0497] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1106과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0498] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1107과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0499] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1108과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0500] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1109와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0501] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1110과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0502] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1112와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0503] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1113과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0504] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1114와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0505] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1115와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0506] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1116과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0507] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1117과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0508] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1118과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0509] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1119와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0510] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2101과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0511] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2102와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0512] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2103과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0513] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2104와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0514] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2105와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0515] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2106과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0516] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2107과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0517] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2108과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0518] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2109와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0519] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2110과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0520] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2111과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0521] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[0522] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0523] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0524] V 유전자 절편은 IGHV4-39*01, IGHV3-53*01, IGHV3-30*18, IGHV2-5*10, IGHV3-21*03, IGHV3-13*01, IGHV3-33*01, IGHV4-4*02, IGHV1-69*05 또는 IGHV3-9*01이고/거나;

[0525] J 유전자 절편은 IGHJ3*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나; 또는

[0526] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0527] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-39*01, IGHV3-53*01, IGHV3-30*18, IGHV2-5*10, IGHV3-21*03, IGHV3-13*01, IGHV3-33*01, IGHV4-4*02, IGHV1-69*05 또는 IGHV3-9*01과 정렬되고/거나,

[0528] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-39*01, IGHV3-53*01, IGHV3-30*18, IGHV2-5*10, IGHV3-21*03, IGHV3-13*01, IGHV3-33*01, IGHV4-4*02, IGHV1-69*05 또는 IGHV3-9*01과 정렬되고/거나,

[0529] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-39*01, IGHV3-53*01, IGHV3-30*18, IGHV2-5*10, IGHV3-21*03, IGHV3-13*01, IGHV3-33*01, IGHV4-4*02, IGHV1-69*05 또는 IGHV3-9*01과 정렬되고/거나,

[0530] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ3*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[0531] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0532] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV4-39*01, IGHV3-53*01, IGHV3-30*18, IGHV2-5*10, IGHV3-21*03, IGHV3-13*01, IGHV3-33*01, IGHV4-4*02, IGHV1-69*05 또는 IGHV3-9*01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[0533] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV4-39*01, IGHV3-53*01, IGHV3-30*18, IGHV2-5*10, IGHV3-21*03, IGHV3-13*01, IGHV3-33*01, IGHV4-4*02, IGHV1-69*05 또는 IGHV3-9*01과 정렬된다.

[0534] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ3*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ3*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[0535] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[0536] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0537] V 유전자 절편은 IGLV2-23*d02, IGKV1-9*d01, IGKV3-15*01, IGKV1D-13*d01, IGLV4-60*d03, IGLV3-10*01, IGLV2-14*01, IGKV1-16*02, IGLV3-21*d01, IGKV1D-17*01, IGKV1-17*01, IGKV3D-7*01 또는 IGKV2-28*01이고/거나;

[0538] J 유전자 절편은 IGLJ2*01, IGKJ5*01, IGKJ2*04, IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGLJ3*02이거나; 또는

[0539] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0540] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV2-23*d02, IGKV1-9*d01, IGKV3-15*01, IGKV1D-13*d01, IGLV4-60*d03, IGLV3-10*01, IGLV2-14*01, IGKV1-16*02, IGLV3-21*d01, IGKV1D-17*01, IGKV1-17*01, IGKV3D-7*01 또는 IGKV2-28*01과 정렬되고/거나,

[0541] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV2-23*d02, IGKV1-9*d01, IGKV3-15*01, IGKV1D-13*d01, IGLV4-60*d03, IGLV3-10*01, IGLV2-14*01, IGKV1-16*02, IGLV3-21*d01, IGKV1D-17*01, IGKV1-17*01, IGKV3D-7*01 또는 IGKV2-28*01과 정렬되고/거나,

[0542] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV2-23*d02, IGKV1-9*d01, IGKV3-15*01, IGKV1D-13*d01, IGLV4-60*d03, IGLV3-10*01, IGLV2-14*01, IGKV1-16*02, IGLV3-21*d01, IGKV1D-17*01, IGKV1-17*01, IGKV3D-7*01 또는 IGKV2-28*01과 정렬되고/거나,

[0543] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGLJ2*01, IGKJ5*01, IGKJ2*04, IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGLJ3*02와 정렬된다.

[0544] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[0545] V 유전자 절편은 IGLV2-23*d02, IGKV1-9*d01, IGKV3-15*01, IGKV1D-13*d01, IGLV4-60*d03, IGLV3-10*01, IGLV2-14*01, IGKV1-16*02, IGLV3-21*d01, IGKV1D-17*01, IGKV1-17*01, IGKV3D-7*01 또는 IGKV2-28*01이고, 임의로

[0546] J 유전자 절편은 IGLJ2*01, IGKJ5*01, IGKJ2*04, IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGLJ3*02이다.

[0547] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 어느 하나의 개별 YANG 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[0548] 군 B - 삼량체 결합제:

[0549] 제2 측면에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, 단리된 S1 서브유닛 또는 단리된 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체를 제공한다.

[0550] 한 실시양태에서, 항체는 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 특이적으로 결합하고, 단리된 RBD 도메인에는 결합하지 않는다.

[0551] 한 실시양태에서, 항체는 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, 단리된 S1 서브유닛 또는 단리된 S2 서브유닛에는 결합하지 않는다.

[0552] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이다.

[0553] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 75nM 이하, 바람직하게는 15nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[0554] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0555] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 HCDR3이다.

[0556] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-030의 HCDR3이다.

[0557] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-053의 HCDR3이다.

[0558] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-025의 HCDR3이다.

[0559] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-040의 HCDR3이다.

[0560] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-007의 HCDR3이다.

[0561] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-020의 HCDR3이다.

[0562] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-032의 HCDR3이다.

[0563] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-023의 HCDR3이다.

[0564] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-039의 HCDR3이다.

[0565] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-001의 HCDR3이다.

[0566] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-019의 HCDR3이다.

[0567] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-010의 HCDR3이다.

[0568] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-008의 HCDR3이다.

[0569] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-031의 HCDR3이다.

[0570] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-057의 HCDR3이다.

[0571] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-022의 HCDR3이다.

[0572] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-035의 HCDR3이다.

[0573] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-067의 HCDR3이다.

[0574] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-072의 HCDR3이다.

[0575] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV2 항체로서,

[0576] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0577] 여기서 CDR은 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 것인 항체를 제공한다.

[0578] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0579] 여기서 CDR은 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 것이다.

[0580] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-030의 CDR을 갖는다.

[0581] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-053의 CDR을 갖는다.

[0582] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-025의 CDR을 갖는다.

[0583] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-040의 CDR을 갖는다.

[0584] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-007의 CDR을 갖는다.

[0585] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-020의 CDR을 갖는다.

[0586] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-032의 CDR을 갖는다.

[0587] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-023의 CDR을 갖는다.

[0588] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-039의 CDR을 갖는다.

[0589] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-001의 CDR을 갖는다.

[0590] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-019의 CDR을 갖는다.

[0591] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-010의 CDR을 갖는다.

[0592] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-008의 CDR을 갖는다.

[0593] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-031의 CDR을 갖는다.

[0594] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-057의 CDR을 갖는다.

[0595] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-022의 CDR을 갖는다.

[0596] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-035의 CDR을 갖는다.

[0597] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-067의 CDR을 갖는다.

[0598] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-072의 CDR을 갖는다.

[0599] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0600] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-030의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-030의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0601] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-053의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-053의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0602] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-025의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-025의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0603] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-040의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-040의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0604] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-007의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-007의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0605] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-020의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-020의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0606] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-032의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-032의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0607] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-023의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-023의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0608] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-039의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-039의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0609] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-001의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-001의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0610] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-019의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-019의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0611] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-010의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-010의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0612] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-008의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-008의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0613] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-031의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-031의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0614] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-057의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-057의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0615] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-022의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-022의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0616] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-035의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-035의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0617] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-067의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-067의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0618] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-072의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0619] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0620] 단 항체는 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 CDR을 갖는다.

[0621] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-030의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-030의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-030의 CDR을 갖는다.

[0622] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-053의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-053의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-053의 CDR을 갖는다.

[0623] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-025의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-025의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-025의 CDR을 갖는다.

[0624] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-040의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을

갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-040의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-040의 CDR을 갖는다.

[0625] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-007의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-007의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-007의 CDR을 갖는다.

[0626] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-020의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-020의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-020의 CDR을 갖는다.

[0627] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-032의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-032의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-032의 CDR을 갖는다.

[0628] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-023의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-023의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-023의 CDR을 갖는다.

[0629] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-039의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-039의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-039의 CDR을 갖는다.

[0630] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-001의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-001의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-001의 CDR을 갖는다.

[0631] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-019의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-019의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-019의 CDR을 갖는다.

[0632] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-010의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-010의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-010의 CDR을 갖는다.

[0633] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-008의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-008의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-008의 CDR을 갖는다.

[0634] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-031의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-031의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-031의 CDR을 갖는다.

[0635] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-057의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-057의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-057의 CDR을 갖는다.

[0636] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-022의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-022의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-022의 CDR을 갖는다.

[0637] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-035의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-035의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-035의 CDR을 갖는다.

[0638] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-067의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-067의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-067의 CDR을 갖는다.

[0639] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-072의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-072의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-072의 CDR을 갖는다.

[0640] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0641] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0642] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0643] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-030의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-030의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0644] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-053의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-053의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0645] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-025의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-025의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0646] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-040의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-040의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0647] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-007의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-007의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0648] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-020의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-020의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0649] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-032의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-032의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0650] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-023의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-023의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0651] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-039의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-039의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0652] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-001의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-001의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0653] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-019의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-019의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0654] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-010의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-010의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0655] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-008의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-008의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0656] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-031의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-031의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0657] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-057의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL)

도메인 서열은 항체 IMPI-057의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0658] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-022의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-022의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0659] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-035의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-035의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0660] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-067의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-067의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0661] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-072의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-072의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0662] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[0663] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0664] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0665] V 유전자 절편은 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18이고/거나;

[0666] J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는

[0667] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0668] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[0669] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[0670] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[0671] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[0672] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0673] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[0674] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬된다.

[0675] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[0676] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[0677] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0678] V 유전자 절편은 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01이고/거나,

[0679] J 유전자 절편은 IGKJ4*01이거나, 또는

[0680] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0681] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0682] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0683] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0684] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ4*01과 정렬된다.

[0685] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[0686] V 유전자 절편은 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01이고, 임의로

[0687] J 유전자 절편은 IGKJ4*01이다.

[0688] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 이 군 B 섹션에서 확인된 어느 하나의 개별 IMPI 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[0689] 군 C - S2 결합제:

[0690] 제3 측면에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 중화 항체를 제공한다.

[0691] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 10nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[0692] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[0693] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 3nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[0694] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0695] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 HCDR3이다.

[0696] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-003의 HCDR3이다.

[0697] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-013의 HCDR3이다.

[0698] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-063의 HCDR3이다.

[0699] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-061의 HCDR3이다.

[0700] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-062의 HCDR3이다.

[0701] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-064의 HCDR3이다.

[0702] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-065의 HCDR3이다.

[0703] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-066의 HCDR3이다.

[0704] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-069의 HCDR3이다.

[0705] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-070의 HCDR3이다.

[0706] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-071의 HCDR3이다.

[0707] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0708] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0709] 여기서 CDR은 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 것인 항체를 제공한다.

[0710] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0711] 여기서 CDR은 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 것이다.

[0712] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-003의 CDR을 갖는다.

[0713] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-013의 CDR을 갖는다.

[0714] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-063의 CDR을 갖는다.

[0715] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-061의 CDR을 갖는다.

[0716] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-062의 CDR을 갖는다.

[0717] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-064의 CDR을 갖는다.

[0718] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-065의 CDR을 갖는다.

[0719] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-066의 CDR을 갖는다.

[0720] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-069의 CDR을 갖는다.

[0721] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-070의 CDR을 갖는다.

[0722] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-071의 CDR을 갖는다.

[0723] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0724] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-003의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-003의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0725] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-013의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-013의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0726] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-063의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-063의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0727] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-061의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-061의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0728] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-062의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-062의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0729] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-064의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-064의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0730] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-065의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-065의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0731] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-066의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-066의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0732] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-069의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-069의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0733] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-070의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-070의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0734] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-071의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0735] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0736] 단 항체는 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 CDR을 갖는다.

[0737] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-003의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-003의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-003의 CDR을 갖는다.

[0738] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-013의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-013의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-013의 CDR을 갖는다.

[0739] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-063의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-063의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-063의 CDR을 갖는다.

[0740] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-061의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-061의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-061의 CDR을 갖는다.

[0741] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-062의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-062의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-062의 CDR을 갖는다.

[0742] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-064의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-064의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-064의 CDR을 갖는다.

[0743] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-065의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-065의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-065의 CDR을 갖는다.

[0744] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-066의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-066의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-066의 CDR을 갖는다.

[0745] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-069의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-069의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일

성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-069의 CDR을 갖는다.

[0746] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-070의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-070의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-070의 CDR을 갖는다.

[0747] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-071의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-071의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-071의 CDR을 갖는다.

[0748] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0749] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0750] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0751] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-003의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-003의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0752] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-013의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-013의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0753] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-063의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-063의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0754] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-061의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-061의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0755] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-062의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-062의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0756] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-064의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-064의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0757] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-065의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-065의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0758] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-066의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-066의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0759] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-069의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-069의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0760] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-070의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-070의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0761] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-071의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-071의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0762] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[0763] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0764] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0765] V 유전자 절편은 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01이고/거나;

[0766] J 유전자 절편은 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02이거나, 또는

[0767] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0768] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나,

[0769] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나,

[0770] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나,

[0771] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02와 정렬된다.

[0772] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0773] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[0774] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬된다.

[0775] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02와 정렬된다.

[0776] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[0777] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0778] V 유전자 절편은 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01이고/거나,

[0779] J 유전자 절편은 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04이거나; 또는

[0780] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0781] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0782] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0783] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[0784] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04와 정렬된다.

[0785] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[0786] V 유전자 절편은 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01이고, 임의로

[0787] J 유전자 절편은 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04이다.

[0788] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 이 군 C 섹션에서 확인된 어느 하나의 개별 IMPI 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[0789] 추가의 S2 결합제

[0790] 본 발명의 제3 측면에 따르면, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 추가의 항체

가 본원에 제공된다. 예를 들어, 본원에 예시된 바와 같은 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 것으로 밝혀졌다.

[0791] 제1 측면에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체를 제공한다.

[0792] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합한다.

[0793] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0794] 여기서 HCDR3은 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 HCDR3이다.

[0795] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0796] 여기서 HCDR3은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 HCDR3이다.

[0797] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1201의 HCDR3이다.

[0798] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1202의 HCDR3이다.

[0799] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1203의 HCDR3이다.

[0800] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1204의 HCDR3이다.

[0801] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1205의 HCDR3이다.

[0802] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1206의 HCDR3이다.

[0803] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1207의 HCDR3이다.

[0804] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2201의 HCDR3이다.

[0805] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2202의 HCDR3이다.

[0806] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2203의 HCDR3이다.

[0807] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2204의 HCDR3이다.

[0808] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2205의 HCDR3이다.

[0809] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2206의 HCDR3이다.

[0810] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2207의 HCDR3이다.

[0811] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2208의 HCDR3이다.

[0812] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, HCDR3은 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 HCDR3이다.

[0813] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, HCDR3은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207, YANG-2208의 HCDR3이다.

[0814] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도

바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207, YANG-2208의 HCDR3이다.

[0815] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207, YANG-2208의 HCDR3이다.

[0816] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2로서,

[0817] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0818] 여기서 CDR은 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 것인 항체를 제공한다.

[0819] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0820] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0821] 여기서 CDR은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 것인 항체를 제공한다.

[0822] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1201의 CDR을 갖는다.

[0823] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1202의 CDR을 갖는다.

[0824] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1203의 CDR을 갖는다.

[0825] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1204의 CDR을 갖는다.

[0826] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1205의 CDR을 갖는다.

[0827] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1206의 CDR을 갖는다.

[0828] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1207의 CDR을 갖는다.

[0829] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2201의 CDR을 갖는다.

[0830] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2202의 CDR을 갖는다.

[0831] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2203의 CDR을 갖는다.

[0832] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2204의 CDR을 갖는다.

[0833] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2205의 CDR을 갖는다.

[0834] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2206의 CDR을 갖는다.

[0835] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2207의 CDR을 갖는다.

[0836] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2208의 CDR을 갖는다.

[0837] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2로서,

[0838] 여기서 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고,

[0839] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0840] 여기서 CDR은 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f,

YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 것인 항체를 제공한다.

[0841] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[0842] 여기서 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고,

[0843] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0844] 여기서 CDR은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 것인 항체를 제공한다.

[0845] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0846] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0847] 여기서 CDR은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 것이다.

[0848] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0849] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[0850] 여기서 CDR은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 것이다.

[0851] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-22991의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0852] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0853] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는,

항체 YANG-1201의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1201의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0854] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1202의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1202의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0855] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1203의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1203의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0856] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1204의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1204의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0857] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1205의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1205의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0858] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1206의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1206의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0859] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1207의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1207의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0860] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2201의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2201의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0861] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2202의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2202의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0862] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2203의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2203의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0863] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2204의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2204의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0864] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2205의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2205의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0865] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2206의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2206의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0866] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2207의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2207의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0867] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2208의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0868] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고,

[0869] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-22991의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0870] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고,

[0871] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0872] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0873] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0874] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0875] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0876] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221,

YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-2299l의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0877] 단 항체는 각각 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-2299l의 CDR을 갖는다.

[0878] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0879] 단 항체는 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 CDR을 갖는다.

[0880] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1201의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1201의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1201의 CDR을 갖는다.

[0881] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1202의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1202의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1202의 CDR을 갖는다.

[0882] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1203의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1203의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1203의 CDR을 갖는다.

[0883] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1204의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1204의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1204의 CDR을 갖는다.

[0884] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1205의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1205의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1205의 CDR을 갖는다.

[0885] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1206의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1206의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1206의 CDR을 갖는다.

[0886] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1207의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1207의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1207의 CDR을 갖는다.

[0887] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2201의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2201의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2201의 CDR을 갖는다.

[0888] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2202의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2202의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2202의 CDR을 갖는다.

[0889] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2203의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2203의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2203의 CDR을 갖는다.

[0890] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2204의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2204의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2204의 CDR을 갖는다.

[0891] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2205의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2205의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2205의 CDR을 갖는다.

[0892] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2206의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2206의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2206의 CDR을 갖는다.

[0893] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2207의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2207의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2207의 CDR을 갖는다.

[0894] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2208의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2208의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2208의 CDR을 갖는다.

[0895] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고,

[0896] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294,

YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-2299l의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0897] 단 항체는 각각 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-2299l의 CDR을 갖는다.

[0898] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고,

[0899] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0900] 단 항체는 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 CDR을 갖는다.

[0901] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0902] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0903] 단 항체는 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 CDR을 갖는다.

[0904] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 35% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[0905] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[0906] 단 항체는 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 CDR을 갖는다.

[0907] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[0908] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205,

YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0909] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[0910] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[0911] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1201의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0912] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1202의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0913] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1203의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0914] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1204의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0915] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1205의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0916] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1206의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0917] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1207의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0918] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2201의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0919] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2202의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0920] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2203의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0921] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2204의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0922] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2205의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0923] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2206의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0924] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2207의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0925] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2208의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[0926] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을

포함한다.

[0927] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[0928] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1201의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0929] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1202의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0930] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1203의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0931] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1204의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0932] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1205의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0933] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1206의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0934] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1207의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0935] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2201의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0936] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2202의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0937] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2203의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0938] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2204의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0939] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2205의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0940] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2206의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0941] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2207의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0942] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2208의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[0943] 본원의 어느 곳에 기재된 항체와 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛 상의 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0944] 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 항체 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-2299l과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0945] 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 항체 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0946] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1201과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0947] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1202와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0948] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1203과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0949] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1204와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0950] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1205와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0951] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1206과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0952] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1207과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0953] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2201과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0954] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2202와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0955] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2203과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0956] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2204와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0957] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2205와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0958] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2206과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0959] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2207과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0960] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2208과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[0961] 항체는 본원의 어느 곳에 개시된 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이, 항체 사이의 경쟁은, 예를 들어 SPR을 사용하여 결정될 수 있고, 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원의 어느 곳에 기재된 바와 같은 IgG 항체와 경쟁하는 (그의 에피토프에의 결합에 대해 경쟁하는) 항체가 제공된다.

[0962] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-S2 항체, 예컨대, 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-22991과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0963] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1201과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0964] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1202와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0965] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1203과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0966] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1204와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0967] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1205와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0968] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1206과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0969] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1207과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0970] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2201과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0971] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2202와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0972] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2203과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0973] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2204와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0974] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2205와 경쟁하는 것일 수 있다.

[0975] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2206과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0976] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2207과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0977] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2208과 경쟁하는 것일 수 있다.

[0978] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[0979] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0980] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0981] V 유전자 절편은 IGHV4-4*02, IGHV3-7*01, IGHV3-9*01, IGHV3-30*18, IGHV1-46*03, IGHV3-33*01 또는 IGHV3-23*04이고/거나;

[0982] J 유전자 절편은 IGHJ6*02, IGHJ3*02 또는 IGHJ4*02이거나; 또는

[0983] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0984] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-7*01, IGHV3-9*01, IGHV3-30*18, IGHV1-46*03, IGHV3-33*01 또는 IGHV3-23*04와 정렬되고/거나,

[0985] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-7*01, IGHV3-9*01, IGHV3-30*18, IGHV1-46*03, IGHV3-33*01 또는 IGHV3-23*04와 정렬되고/거나,

[0986] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-7*01, IGHV3-9*01, IGHV3-30*18, IGHV1-46*03, IGHV3-33*01 또는 IGHV3-23*04와 정렬되고/거나,

[0987] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ3*02 또는 IGHJ4*02와 정렬된다.

[0988] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[0989] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-7*01, IGHV3-9*01, IGHV3-30*18, IGHV1-46*03, IGHV3-33*01 또는 IGHV3-23*04, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[0990] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-7*01, IGHV3-9*01, IGHV3-30*18, IGHV1-46*03, IGHV3-33*01 또는 IGHV3-23*04와 정렬된다.

[0991] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ6*02, IGHJ3*02 또는 IGHJ4*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ3*02 또는 IGHJ4*02와 정렬된다.

[0992] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[0993] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[0994] V 유전자 절편은 IGKV3-20*01, IGKV1-16*02, IGKV1-33*01, IGKV2-30*01, IGKV2D-29*01, IGLV1-40*01, IGLV3-1*01, IGKV2D-28*d01, IGKV1-12*01 또는 IGLV1-51*01이고/거나;

[0995] J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ3*01, IGKJ4*01, IGLJ3*02, IGLJ2*01 또는 IGKJ5*01이거나; 또는

[0996] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[0997] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV3-20*01, IGKV1-16*02, IGKV1-33*01, IGKV2-30*01, IGKV2D-29*01, IGLV1-40*01, IGLV3-1*01, IGKV2D-28*d01, IGKV1-12*01 또는 IGLV1-51*01과 정렬되고/거나,

[0998] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV3-20*01, IGKV1-16*02, IGKV1-33*01, IGKV2-30*01, IGKV2D-29*01, IGLV1-40*01, IGLV3-1*01, IGKV2D-28*d01, IGKV1-12*01 또는 IGLV1-51*01과 정렬되고/거나,

[0999] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV3-20*01, IGKV1-16*02, IGKV1-33*01, IGKV2-30*01, IGKV2D-29*01, IGLV1-40*01, IGLV3-1*01, IGKV2D-28*d01, IGKV1-12*01 또는 IGLV1-51*01과 정렬되고/거나,

[1000] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01, IGKJ3*01, IGKJ4*01, IGLJ3*02, IGLJ2*01 또는 IGKJ5*01과 정렬된다.

[1001] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[1002] V 유전자 절편은 IGKV3-20*01, IGKV1-16*02, IGKV1-33*01, IGKV2-30*01, IGKV2D-29*01, IGLV1-40*01, IGLV3-1*01, IGKV2D-28*d01, IGKV1-12*01 또는 IGLV1-51*01이고, 임의로

[1003] J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ3*01, IGKJ4*01, IGLJ3*02, IGLJ2*01 또는 IGKJ5*01이다.

[1004] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 어느 하나의 개별 YANG 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[1005] 군 D - 비-경쟁 RBD 결합제

[1006] 제4 측면에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, SARS-CoV2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체를 제공한다.

[1007] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이다.

[1008] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 55nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1009] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 35nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1010] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 15nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1011] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 10nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1012] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 3nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1013] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시킨다.

[1014] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 HCDR3이다.

[1015] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 HCDR3이다.

[1016] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 HCDR3이다.

[1017] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 HCDR3이다.

[1018] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 HCDR3이다.

[1019] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-026의 HCDR3이다.

[1020] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-034의 HCDR3이다.

[1021] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-016의 HCDR3이다.

[1022] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-050의 HCDR3이다.

[1023] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-049의 HCDR3이다.

[1024] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-015의 HCDR3이다.

[1025] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-009의 HCDR3이다.

[1026] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-011의 HCDR3이다.

[1027] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-044의 HCDR3이다.

[1028] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-046의 HCDR3이다.

[1029] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-051의 HCDR3이다.

[1030] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-024의 HCDR3이다.

[1031] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-058의 HCDR3이다.

[1032] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-043의 HCDR3이다.

[1033] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-045의 HCDR3이다.

[1034] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-027의 HCDR3이다.

[1035] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-018의 HCDR3이다.

[1036] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-048의 HCDR3이다.

[1037] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-033의 HCDR3이다.

[1038] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-014의 HCDR3이다.

[1039] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-038의 HCDR3이다.

[1040] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 IMPI-068의 HCDR3이다.

[1041] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[1042] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1043] 여기서 CDR은 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것인 항체를 제공한다.

[1044] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1045] 여기서 CDR은 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것이다.

[1046] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1047] 여기서 CDR은 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 것이다.

[1048] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1049] 여기서 CDR은 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것이다.

[1050] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 CDR은 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 것이다.

[1051] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 CDR은 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것이다.

[1052] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-026의 CDR을 갖는다.

[1053] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-034의 CDR을 갖는다.

[1054] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-016의 CDR을 갖는다.

[1055] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-050의 CDR을 갖는다.

[1056] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-049의 CDR을 갖는다.

[1057] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-015의 CDR을 갖는다.

[1058] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-009의 CDR을 갖는다.

[1059] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-011의 CDR을 갖는다.

[1060] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-044의 CDR을 갖는다.

[1061] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-046의 CDR을 갖는다.

[1062] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-051의 CDR을 갖는다.

[1063] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-024의 CDR을 갖는다.

[1064] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-058의 CDR을 갖는다.

[1065] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-043의 CDR을 갖는다.

[1066] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-045의 CDR을 갖는다.

[1067] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-027의 CDR을 갖는다.

[1068] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-018의 CDR을 갖는다.

[1069] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-048의 CDR을 갖는다.

[1070] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-033의 CDR을 갖는다.

[1071] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-014의 CDR을 갖는다.

[1072] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-038의 CDR을 갖는다.

[1073] 한 실시양태에서, 항체는 항체 IMPI-068의 CDR을 갖는다.

[1074] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1075] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1076] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1077] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1078] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1079] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-026의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-026의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1080] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-034의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-034의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1081] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-016의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-016의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1082] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-050의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개

의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-050의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1083] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-049의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-049의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1084] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-015의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-015의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1085] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-009의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-009의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1086] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-011의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-011의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1087] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-044의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-044의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1088] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-046의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-046의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1089] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-051의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-051의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1090] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1091] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-058의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-058의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1092] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-043의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-043의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1093] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-045의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-045의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1094] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1095] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-018의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-018의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1096] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-048의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-048의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1097] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는,

항체 IMPI-033의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-033의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1098] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-014의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-014의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1099] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-038의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-038의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1100] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-068의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1101] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1102] 단 항체는 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 CDR을 갖는다.

[1103] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 CDR을 갖는다.

[1104] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 CDR을 갖는다.

[1105] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 CDR을 갖는다.

[1106] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1107] 단 항체는 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 CDR을 갖는다.

[1108] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-026의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-026의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-026의 CDR을 갖는다.

[1109] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-034의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-034의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-034의 CDR을 갖는다.

[1110] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-016의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-016의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-016의 CDR을 갖는다.

[1111] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-050의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-050의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-050의 CDR을 갖는다.

[1112] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-049의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-049의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-049의 CDR을 갖는다.

[1113] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-015의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-015의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-015의 CDR을 갖는다.

[1114] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-009의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-009의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-009의 CDR을 갖는다.

[1115] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-011의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-011의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-011의 CDR을 갖는다.

[1116] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-044의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-044의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-044의 CDR을 갖는다.

[1117] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-046의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-046의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-046의 CDR을 갖는다.

[1118] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-051의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-051의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-051의 CDR을 갖는다.

[1119] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-024의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-024의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-024의 CDR을 갖는다.

[1120] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-058의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-058의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-058의 CDR을 갖는다.

[1121] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-043의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-043의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-043의 CDR을 갖는다.

[1122] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-045의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-045의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-045의 CDR을 갖는다.

[1123] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-027의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-027의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-027의 CDR을 갖는다.

[1124] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-018의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-018의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일

성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-018의 CDR을 갖는다.

[1125] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-048의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-048의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-048의 CDR을 갖는다.

[1126] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-033의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-033의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-033의 CDR을 갖는다.

[1127] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-014의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-014의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-014의 CDR을 갖는다.

[1128] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-038의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-038의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-038의 CDR을 갖는다.

[1129] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-068의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-068의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-068의 CDR을 갖는다.

[1130] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1131] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1132] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1133] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068 또는 이들 항체 중 하나와 동일한 클러스터 내의 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1134] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키고, 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1135] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV2 항체로서,

[1136] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[1137] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-026의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-026의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1138] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-034의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL)

도메인 서열은 항체 IMPI-034의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1139] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-016의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-016의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1140] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-050의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-050의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1141] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-049의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-049의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1142] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-015의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-015의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1143] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-009의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-009의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1144] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-011의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-011의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1145] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-044의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-044의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1146] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-046의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-046의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1147] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-051의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-051의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1148] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-024의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-024의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1149] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-058의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-058의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1150] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-043의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-043의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1151] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-045의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-045의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1152] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-027의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-027의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1153] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-018의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-018의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1154] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-048의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-048의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1155] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-033의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-033의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1156] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-014의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-014의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1157] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-038의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-038의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1158] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 IMPI-068의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 IMPI-068의 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1159] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 2nM 이상의 IC50으로 SARS-CoV2를

중화시킨다 (예를 들어, IMPI-024; IMPI-068; IMPI-027; 및 IMPI-038 참조).

[1160] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5nM 이상의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시킨다 (예를 들어, IMPI-024; IMPI-068; IMPI-027; IMPI-038 참조).

[1161] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 10nM 이상의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시킨다 (예를 들어, IMPI-068; IMPI-027; 및 IMPI-038 참조).

[1162] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 30nM 이상의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시킨다 (예를 들어, IMPI-027; 및 IMPI-038 참조).

[1163] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50nM 이상의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시킨다 (예를 들어, IMPI-038 참조).

[1164] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[1165] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[1166] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[1167] V 유전자 절편은 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18이고/거나;

[1168] J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는

[1169] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[1170] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[1171] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[1172] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[1173] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1174] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[1175] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[1176] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬된다.

[1177] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1178] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[1179] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[1180] V 유전자 절편은 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01이고/거나,

[1181] J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01이거나; 또는

[1182] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[1183] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나,

[1184] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나,

[1185] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나,

[1186] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01과 정렬된다.

[1187] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[1188] V 유전자 절편은 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01이고, 임의로

[1189] J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01이다.

[1190] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 이 군 D 섹션에서 확인된 어느 하나의 개별 IMPI 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[1191] 추가의 비-경쟁 RBD 결합제

[1192] 본 발명의 제4 측면에 따르면, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 추가의 항체가 본원에 제공된다. 예를 들어, 본원에 예시된 바와 같은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 및 YANG-2112는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 것으로 밝혀졌다.

[1193] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1194] 여기서 HCDR3은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 HCDR3이다.

[1195] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1102의 HCDR3이다.

[1196] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1111의 HCDR3이다.

[1197] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1401의 HCDR3이다.

[1198] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1402의 HCDR3이다.

[1199] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1403의 HCDR3이다.

[1200] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2112의 HCDR3이다.

[1201] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, HCDR3은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 HCDR3이다.

[1202] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, HCDR3은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 HCDR3이다.

[1203] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 HCDR3이다.

[1204] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의

HCDR3이다.

[1205] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[1206] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1207] 여기서 CDR은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 것인 항체를 제공한다.

[1208] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1102의 CDR을 갖는다.

[1209] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1111의 CDR을 갖는다.

[1210] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1401의 CDR을 갖는다.

[1211] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1402의 CDR을 갖는다.

[1212] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1403의 CDR을 갖는다.

[1213] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1214] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, CDR은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 것이다.

[1215] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, CDR은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 것이다.

[1216] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 것이다.

[1217] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고, CDR은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 것이다.

[1218] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1219] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1220] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1102의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1102의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1221] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1401의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1401의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1222] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1402의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5

개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1402의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1223] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1403의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1403의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1224] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2112의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1225] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고,

[1226] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1227] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고,

[1228] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1229] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1230] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1231] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1232] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1233] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1234] 단 항체는 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1235] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1102의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1102의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1102의 CDR을 갖는다.

[1236] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1111의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1111의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동

일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1111의 CDR을 갖는다.

[1237] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1401의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1401의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1401의 CDR을 갖는다.

[1238] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1402의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1402의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1402의 CDR을 갖는다.

[1239] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1403의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1403의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1403의 CDR을 갖는다.

[1240] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2112의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2112의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1241] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고,

[1242] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1243] 단 항체는 각각 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1244] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고,

[1245] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1246] 단 항체는 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1247] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1248] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1249] 단 항체는 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1250] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 적어도 70%, 85% 또는 90% 중화로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1251] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1252] 단 항체는 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d,

YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 CDR을 갖는다.

[1253] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[1254] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[1255] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1102의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[1256] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1111의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[1257] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1401의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[1258] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1402의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[1259] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-1403의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[1260] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, 항체 YANG-2112의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[1261] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1262] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1102의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1263] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1111의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1264] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1401의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1265] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1402의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1266] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1403의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1267] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2112의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1268] 본원의 어느 곳에 기재된 항체와 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD 상의 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1269] 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 항체 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1270] 항체 YANG-1102와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1271] 항체 YANG-1111과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1272] 항체 YANG-1401과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1273] 항체 YANG-1402와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1274] 항체 YANG-1403과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1275] 항체 YANG-2112와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1276] 항체는 본원의 어느 곳에 개시된 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이, 항체 사이의 경쟁은, 예를 들어 SPR

을 사용하여 결정될 수 있고, 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원의 어느 곳에 기재된 바와 같은 IgG 항체와 경쟁하는 (그의 에피토프에의 결합에 대해 경쟁하는) 항체가 제공된다.

[1277] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-RBD 항체, 예컨대, 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1278] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1111과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1279] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1102와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1280] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1401과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1281] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1402와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1282] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1403과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1283] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2112와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1284] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[1285] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[1286] V 유전자 절편은 IGHV4-4*02, IGHV3-48*02, IGHV3-53*01, IGHV3-33*01 또는 IGHV1-24*d01이고/거나;

[1287] J 유전자 절편은 IGHJ4*02, IGHJ5*02 또는 IGHJ6*02이거나; 또는

[1288] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[1289] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-48*02, IGHV3-53*01, IGHV3-33*01 또는 IGHV1-24*d01과 정렬되고/거나,

[1290] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-48*02, IGHV3-53*01, IGHV3-33*01 또는 IGHV1-24*d01과 정렬되고/거나,

[1291] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-48*02, IGHV3-53*01, IGHV3-33*01 또는 IGHV1-24*d01과 정렬되고/거나,

[1292] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02, IGHJ5*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1293] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[1294] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-48*02, IGHV3-53*01, IGHV3-33*01 또는 IGHV1-24*d01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[1295] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-48*02, IGHV3-53*01, IGHV3-33*01 또는 IGHV1-24*d01과 정렬된다.

[1296] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ4*02, IGHJ5*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02, IGHJ5*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1297] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[1298] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[1299] V 유전자 절편은 IGLV1-40*01, IGLV3-21*d01, IGKV1D-16*01, IGKV1-9*d01, IGKV1D-17*01 또는 IGLV1-47*01이고/거나;

[1300] J 유전자 절편은 IGLJ3*02, IGLJ2*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ1*01이거나; 또는

[1301] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[1302] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV1-40*01, IGLV3-21*d01, IGKV1D-16*01, IGKV1-9*d01, IGKV1D-17*01 또는 IGLV1-47*01과 정렬되고/거나,

[1303] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV1-40*01, IGLV3-21*d01, IGKV1D-16*01, IGKV1-9*d01, IGKV1D-17*01 또는 IGLV1-47*01과 정렬되고/거나,

[1304] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV1-40*01, IGLV3-21*d01, IGKV1D-16*01, IGKV1-9*d01, IGKV1D-17*01 또는 IGLV1-47*01과 정렬되고/거나,

[1305] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGLJ3*02, IGLJ2*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ1*01과 정렬된다.

[1306] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[1307] V 유전자 절편은 IGLV1-40*01, IGLV3-21*d01, IGKV1D-16*01, IGKV1-9*d01, IGKV1D-17*01 또는 IGLV1-47*01이고, 임의로

[1308] J 유전자 절편은 IGLJ3*02, IGLJ2*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ1*01이다.

[1309] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 어느 하나의 개별 YANG 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[1310] 군 E - NTD 결합제

[1311] 본 발명의 제5 측면에 따르면, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체가 본원에 제공된다. 예를 들어, 본원에 예시된 바와 같은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 및 YANG-2306은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 것으로 밝혀졌다.

[1312] 제1 측면에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체를 제공한다.

[1313] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합한다.

[1314] 한 실시양태에서, 항체는 중화 항체이다.

[1315] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1316] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV2를 중화시킨다.

[1317] 한 실시양태에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1318] 여기서 HCDR3은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 HCDR3이다.

[1319] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1301의 HCDR3이다.

[1320] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1302의 HCDR3이다.

[1321] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1303의 HCDR3이다.

[1322] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1304의 HCDR3이다.

[1323] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-1305의 HCDR3이다.

[1324] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2301의 HCDR3이다.

[1325] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2302의 HCDR3이다.

[1326] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2303의 HCDR3이다.

[1327] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2304의 HCDR3이다.

[1328] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2305의 HCDR3이다.

[1329] 한 실시양태에서, HCDR3은 항체 YANG-2306의 HCDR3이다.

[1330] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, HCDR3은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 HCDR3이다.

[1331] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 HCDR3이다.

[1332] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고, HCDR3은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 HCDR3이다.

[1333] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[1334] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1335] 여기서 CDR은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 것인 항체를 제공한다.

[1336] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1301의 CDR을 갖는다.

[1337] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1302의 CDR을 갖는다.

[1338] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1303의 CDR을 갖는다.

[1339] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1304의 CDR을 갖는다.

[1340] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1305의 CDR을 갖는다.

[1341] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2301의 CDR을 갖는다.

[1342] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2302의 CDR을 갖는다.

[1343] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2303의 CDR을 갖는다.

[1344] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2304의 CDR을 갖는다.

[1345] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2305의 CDR을 갖는다.

[1346] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2306의 CDR을 갖는다.

[1347] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[1348] 여기서 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고,

[1349] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1350] 여기서 CDR은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 것인 항체를 제공한다.

[1351] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[1352] 여기서 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1353] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1354] 여기서 CDR은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 것인 항체를 제공한다.

[1355] 한 실시양태에서, 본 발명은 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[1356] 여기서 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1357] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1358] 여기서 CDR은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 것인 항체를 제공한다.

[1359] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1360] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1361] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1362] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1302의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1302의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1363] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1303의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1303의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1364] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1304의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1304의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1365] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1305의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1305의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1366] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2301의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5

개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2301의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1367] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2302의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2302의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1368] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2303의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2303의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1369] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2304의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2304의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1370] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2305의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2305의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1371] 한 실시양태에서, 항체는 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-2306의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1372] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고,

[1373] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1374] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1375] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1376] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1377] 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1378] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1379] 단 항체는 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 CDR을 갖는다.

[1380] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1301의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을

갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1301의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1301의 CDR을 갖는다.

[1381] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1302의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1302의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1302의 CDR을 갖는다.

[1382] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1303의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1303의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1303의 CDR을 갖는다.

[1383] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1304의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1304의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1304의 CDR을 갖는다.

[1384] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-1305의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-1305의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-1305의 CDR을 갖는다.

[1385] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2301의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2301의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2301의 CDR을 갖는다.

[1386] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2302의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2302의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2302의 CDR을 갖는다.

[1387] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2303의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2303의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2303의 CDR을 갖는다.

[1388] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2304의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2304의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2304의 CDR을 갖는다.

[1389] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2305의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2305의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2305의 CDR을 갖는다.

[1390] 한 실시양태에서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열은 항체 YANG-2306의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 항체 YANG-2306의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 YANG-2306의 CDR을 갖는다.

[1391] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고,

[1392] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1393] 단 항체는 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 CDR을 갖는다.

[1394] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1395] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-

2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1396] 단 항체는 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 CDR을 갖는다.

[1397] 한 실시양태에서, 항체는 (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 0.1 nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 5.5 nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키고,

[1398] 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[1399] 단 항체는 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 CDR을 갖는다.

[1400] 한 실시양태에서, 본 발명은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[1401] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체를 제공한다.

[1402] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-1301의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1403] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-1302의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1404] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-1303의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1405] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-1304의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1406] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-1305의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1407] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-2301의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1408] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-2302의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1409] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-2303의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1410] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-2304의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1411] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-2305의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1412] 한 실시양태에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하고, 여기서 항체는 항체 YANG-2306의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1413] 한 실시양태에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304,

YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1414] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1301의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1415] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1302의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1416] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1303의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1417] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1304의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1418] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-1305의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1419] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2301의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1420] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2302의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1421] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2303의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1422] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2304의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1423] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2305의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1424] 한 실시양태에서, 항체는 항체 YANG-2306의 VH 및 VL 도메인 서열을 포함한다.

[1425] 본원의 어느 곳에 기재된 항체와 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD) 상의 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1426] 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 항체 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1427] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1301과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1428] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1302와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1429] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1303과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1430] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1304와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1431] 한 실시양태에서, 항체 YANG-1305와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1432] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2301과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1433] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2302와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1434] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2303과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1435] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2304와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1436] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2305와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1437] 한 실시양태에서, 항체 YANG-2306과 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공된다.

[1438] 항체는 본원의 어느 곳에 개시된 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이, 항체 사이의 경쟁은, 예를 들어 SPR을 사용하여 결정될 수 있고, 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원의 어느 곳에 기재된 바와 같은 IgG 항체와 경쟁하는 (그의 에피토프에의 결합에 대해 경쟁하는) 항체가 제공된다.

[1439] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-NTD 항체, 예컨대, 예를 들어 VH 및 VL 서열에 의해 정의된 바와 같은 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1440] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1301과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1441] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1302와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1442] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 임의의 항체 YANG-1303과 경쟁하는 것일 수 있

다.

[1443] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1304와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1444] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-1305와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1445] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2301과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1446] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2302와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1447] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2303과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1448] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2304와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1449] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2305와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1450] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 항체 YANG-2306과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1451] 한 실시양태에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함한다.

[1452] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[1453] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[1454] V 유전자 절편은 IGHV3-33*01, IGHV1-18*01, IGHV4-34*01, IGHV3-30*18 또는 IGHV1-24*d01이고/거나;

[1455] J 유전자 절편은 IGHJ5*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나; 또는

[1456] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[1457] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-33*01, IGHV1-18*01, IGHV4-34*01, IGHV3-30*18 또는 IGHV1-24*d01과 정렬되고/거나,

[1458] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-33*01, IGHV1-18*01, IGHV4-34*01, IGHV3-30*18 또는 IGHV1-24*d01과 정렬되고/거나,

[1459] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-33*01, IGHV1-18*01, IGHV4-34*01, IGHV3-30*18 또는 IGHV1-24*d01과 정렬되고/거나,

[1460] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ5*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1461] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VH 도메인을 포함한다:

[1462] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV3-33*01, IGHV1-18*01, IGHV4-34*01, IGHV3-30*18 또는 IGHV1-24*d01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[1463] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV3-33*01, IGHV1-18*01, IGHV4-34*01, IGHV3-30*18 또는 IGHV1-24*d01과 정렬된다.

[1464] 한 실시양태에서, J 유전자 절편은 IGHJ5*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ5*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1465] 한 실시양태에서, 항체는 하기인 항체 VL 도메인을 포함한다:

[1466] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[1467] V 유전자 절편은 IGLV3-1*01, IGLV3-10*01, IGKV1-27*01, IGKV3-15*01, IGKV3-20*01 또는 IGLV2-8*01이고/거나;

[1468] J 유전자 절편은 IGLJ2*01, IGLJ3*02, IGKJ3*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ2*04이거나; 또는

[1469] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[1470] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV3-1*01, IGLV3-10*01, IGKV1-27*01, IGKV3-15*01, IGKV3-20*01 또는 IGLV2-8*01과 정렬되고/거나,

[1471] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV3-1*01, IGLV3-10*01, IGKV1-27*01, IGKV3-15*01, IGKV3-20*01 또는 IGLV2-8*01과 정렬되고/거나,

[1472] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGLV3-1*01, IGLV3-10*01, IGKV1-27*01, IGKV3-15*01, IGKV3-20*01 또는 IGLV2-8*01과 정렬되고/거나,

[1473] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGLJ2*01, IGLJ3*02, IGKJ3*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ2*04와 정렬된다.

[1474] 한 실시양태에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서

[1475] V 유전자 절편은 IGLV3-1*01, IGLV3-10*01, IGKV1-27*01, IGKV3-15*01, IGKV3-20*01 또는 IGLV2-8*01이고, 임의로

[1476] J 유전자 절편은 IGLJ2*01, IGLJ3*02, IGKJ3*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ2*04이다.

[1477] 중쇄 및 경쇄 가변 도메인에 대한 v 및 j 유전자 절편의 예시적인 조합이 표 3에 제시되고, 이들은 바람직한 조합을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 임의로 확인된 어느 하나의 개별 YANG 항체에 대해 표 3에서 확인된 v 및 j 유전자 절편으로부터 유래될 수 있다.

[1478] 항체 - 일반

[1479] 한 실시양태에서, 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체는 ADCC 활성을 나타낸다.

[1480] 한 실시양태에서, 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체는 기존 풍토병성 계절성 코로나바이러스 (NL63, 229E, OC43 및 HKU1)와 교차-반응하지 않는다.

[1481] 한 실시양태에서, 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체는 SARS-CoV 스파이크 단백질 및/또는 MERS-CoV 스파이크 단백질과 교차-반응한다.

[1482] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체는 인간 IgG1 또는 인간 IgG4일 수 있다. 한 실시양태에서, 항체는 인간 IgG1이다. 한 실시양태에서, 항체는 서열식별번호(SEQ ID NO): 418의 불변 영역 서열을 포함하는 인간 IgG1이다. 한 실시양태에서, 항체는 인간 IgG4이다. 한 실시양태에서, 항체는 서열식별번호: 436의 불변 영역 서열을 포함하는 인간 IgG4이다.

[1483] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체는 인간 IgA1 (예를 들어, 불변 영역 서열 서열식별번호: 484를 포함함) 또는 인간 IgA2 (예를 들어, 불변 영역 서열 서열식별번호: 485를 포함함)일 수 있다.

[1484] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체는 카파 (κ) 경쇄 불변 영역, 바람직하게는 불변 도메인 서열 서열식별번호: 448을 포함할 수 있다.

[1485] 핵산은 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다. 핵산은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067, IMPI-072, IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071; IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-028, IMPI-038 또는 IMPI-068의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1486] 핵산은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067, IMPI-072, IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071; IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016,

IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-028, IMPI-038 또는 IMPI-068의 VH 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1487] 핵산은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067, IMPI-072, IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071; IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-028, IMPI-038 또는 IMPI-068의 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1488] 본 발명에 의해 제공된 핵산 서열은 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1489] 핵산은 항체 IMPI-037의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1490] 핵산은 항체 YANG-1101의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1491] 핵산은 항체 YANG-1103의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1492] 핵산은 항체 YANG-1105의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1493] 핵산은 항체 YANG-1106의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1494] 핵산은 항체 YANG-1107의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1495] 핵산은 항체 YANG-1108의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1496] 핵산은 항체 YANG-1109의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1497] 핵산은 항체 YANG-1110의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1498] 핵산은 항체 YANG-1112의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1499] 핵산은 항체 YANG-1113의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1500] 핵산은 항체 YANG-1114의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1501] 핵산은 항체 YANG-1115의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1502] 핵산은 항체 YANG-1116의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1503] 핵산은 항체 YANG-1117의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1504] 핵산은 항체 YANG-1118의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1505] 핵산은 항체 YANG-1119의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1506] 핵산은 항체 YANG-2101의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1507] 핵산은 항체 YANG-2102의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1508] 핵산은 항체 YANG-2103의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1509] 핵산은 항체 YANG-2104의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1510] 핵산은 항체 YANG-2105의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1511] 핵산은 항체 YANG-2106의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1512] 핵산은 항체 YANG-2107의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1513] 핵산은 항체 YANG-2108의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1514] 핵산은 항체 YANG-2109의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1515] 핵산은 항체 YANG-2110의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1516] 핵산은 항체 YANG-2111의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1517] 핵산은 항체 YANG-1201의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1518] 핵산은 항체 YANG-1202의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1519] 핵산은 항체 YANG-1203의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1520] 핵산은 항체 YANG-1204의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1521] 핵산은 항체 YANG-1205의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1522] 핵산은 항체 YANG-1206의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1523] 핵산은 항체 YANG-1207의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1524] 핵산은 항체 YANG-2201의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1525] 핵산은 항체 YANG-2202의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1526] 핵산은 항체 YANG-2203의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1527] 핵산은 항체 YANG-2204의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1528] 핵산은 항체 YANG-2205의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1529] 핵산은 항체 YANG-2206의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1530] 핵산은 항체 YANG-2207의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1531] 핵산은 항체 YANG-2208의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1532] 핵산은 항체 YANG-1102의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1533] 핵산은 항체 YANG-1111의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1534] 핵산은 항체 YANG-1401의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1535] 핵산은 항체 YANG-1402의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1536] 핵산은 항체 YANG-1403의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1537] 핵산은 항체 YANG-2112의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1538] 핵산은 항체 YANG-1301의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1539] 핵산은 항체 YANG-1302의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1540] 핵산은 항체 YANG-1303의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1541] 핵산은 항체 YANG-1304의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1542] 핵산은 항체 YANG-1305의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1543] 핵산은 항체 YANG-2301의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1544] 핵산은 항체 YANG-2302의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1545] 핵산은 항체 YANG-2303의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1546] 핵산은 항체 YANG-2304의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1547] 핵산은 항체 YANG-2305의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1548] 핵산은 항체 YANG-2306의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[1549] 벡터는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 핵산을 포함할 수 있고; 임의로 여기서 벡터는 CHO 벡터이다.

[1550] 숙주 세포는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 핵산 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 벡터를 포함할

수 있다.

[1551] 제약 조성물은 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 및 제약상 허용되는 부형제를 포함할 수 있다.

[1552] 제약 조성물은 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체를 코딩하는 단리된 핵산 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 단리된 핵산 및 제약상 허용되는 부형제를 포함할 수 있다.

[1553] 한 실시양태에서, 제약 조성물은 정맥내, 근육내 또는 피하 투여를 위해 제제화된다.

[1554] 한 실시양태에서, 제약 조성물은 적어도 1종의 추가의 치료제를 추가로 포함한다.

[1555] 한 실시양태에서, 추가의 치료제는 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체이다.

[1556] 한 실시양태에서, 적어도 1종의 추가의 항체는 하기로부터 선택된다:

[1557] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[1558] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[1559] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[1560] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[1561] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[1562] 한 실시양태에서, 제약 조성물은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 제1 항체 및 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 제2 항체를 포함한다. 이러한 조합은 유리하게는 합포체 형성을 억제하는 것으로 밝혀졌다. 이러한 실시양태에서, 제약 조성물은 (예를 들어 본원에 기재된 바와 같은 합포체 형성 억제 검정에서 측정 시) 45% 이상 또는 심지어 50% 이상의 합포체 형성 억제가 가능할 수 있다. 제1 항체는 본 발명의 제1 측면에 따른 항체일 수 있다. 제2 항체는 본 발명의 제3 측면에 따른 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059이거나 또는 IMPI-059의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제2 항체는 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207이거나 또는 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2204의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2206의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2207의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2204의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2206의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2207의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다.

[1563] 키트는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 제약 조성물을 포함할 수 있다. 한 실시양태에서, 키트는 적어도 1종의 추가의 치료제를 추가로 포함한다. 한 실시양태에서, 추가의 치료제는 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체를 포함하는 추가의 제약 조성물이다. 한 실시양태에서, 적어도 1종의 추가의 항체는 하기로부터 선택된다:

[1564] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[1565] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[1566] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[1567] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[1568] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[1569] 한 실시양태에서, 키트는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 제1 항체 및 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 제2 항체를 포함한다. 이러한 조합은 유리하게는 합포체 형성을 억제하는 것으로 밝혀졌다. 이러한 실시양태에서, 키트는 (예를 들어 본원에 기재된 바와 같은 합포체 형성 억제 검정에서 측정 시) 45% 이상 또는 심지어 50% 이상의 합포체 형성 억제가 가능할 수 있다. 제1 항체는 본 발명의 제1 측면에 따른 항체일 수 있다. 제2 항체는 본 발명의 제3 측면에 따른 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059이거나 또는 IMPI-059의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제2 항체는 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207이거나 또는 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2204의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2206의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2207의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2204의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2206의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2207의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다.

[1570] 한 실시양태에서, 키트는 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19를 치료 및/또는 예방하기 위한 사용에 대한 라벨 또는 지침서를 추가로 포함하고; 임의로 여기서 라벨 또는 지침서는 시판 허가 번호 (예를 들어, FDA 또는 EMA 허가 번호)를 포함하고; 임의로 여기서 키트는 항체 또는 단편을 포함하는 IV 또는 주사 장치를 포함한다.

[1571] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물은 의약으로서 사용하기 위해 제공될 수 있다.

[1572] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물은 환자에게 항체 또는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위해 제공될 수 있다.

[1573] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물은 환자에게 항체 또는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위해 제공될 수 있다.

[1574] 또한, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 의약의 제조에서의 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물의 용도가 기재된다.

[1575] 또한, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위한 의약의 제조에서의 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물의 용도가 기재된다.

[1576] 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법은 상기 인간에게 치료 유효량의 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물을 투여하는 것을 포함할 수 있다.

[1577] 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법은 상기 인간에게 치료 유효량의 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 조성물을 투여하는 것을 포함할 수 있다.

[1578] 한 실시양태에서, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 SARS-CoV-2-매개 질환 또는 상태이다.

[1579] 한 실시양태에서, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 COVID-19-관련 질환 또는 상태이다. 일부 예에서, COVID-19-관련 질환 또는 상태는 COVID-19이다. 일부 예에서, COVID-19-관련 질환 또는 상태는 SARS-CoV-2에 의한 감염의 긴 징후, 예컨대 '롱 COVID'이다.

[1580] 한 실시양태에서, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 COVID-19이다.

[1581] 한 실시양태에서, 방법은 적어도 1종의 추가의 치료제를 투여하는 것을 추가로 포함한다.

[1582] 한 실시양태에서, 추가의 치료제의 투여는 동시, 개별 또는 순차적 투여이다.

[1583] 한 실시양태에서, 추가의 치료제는 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체이다.

[1584] 한 실시양태에서, 적어도 1종의 추가의 항체는 하기로부터 선택된다:

[1585] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[1586] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[1587] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[1588] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[1589] SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[1590] 한 실시양태에서, 방법은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 제1 항체 및 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 제2 항체를 투여하는 것을 포함한다. 이러한 조합은 유리하게는 합포체 형성을 억제하는 것으로 밝혀졌다. 이러한 실시양태에서, 방법은 (예를 들어 본원에 기재된 바와 같은 합포체 형성 억제 검정에서 측정 시) 45% 이상 또는 심지어 50% 이상의 합포체 형성 억제가 가능할 수 있다. 제1 항체는 본 발명의 제1 측면에 따른 항체일 수 있다. 제2 항체는 본 발명의 제3 측면에 따른 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059이거나 또는 IMPI-059의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제2 항체는 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207이거나 또는 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207의 HCDR3, 6개의 CDR 또는 VH 및/또는 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2204의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2206의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2207의 6개의 CDR을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2204의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2206의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다. 이러한 실시양태에서, 제1 항체는 IMPI-059의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있고, 제2 항체는 YANG-2207의 VH 및 VL 도메인 서열을 갖는 항체일 수 있다.

[1591] 한 예에서, 제1 항체 및 제2 항체는 동시에, 개별적으로 또는 순차적으로 투여될 수 있다.

[1592] 또한, 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재 또는 부재를 결정하기 위한 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체의 용도가 기재된다.

[1593] 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재 또는 부재를 결정하는 방법은 샘플을 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체와 접촉시키는 단계; 및 샘플 내 항체와 SARS-CoV2 사이의 결합을 시험하는 단계를 포함할 수 있으며; 여기서 결합의 검출은 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재를 나타내고, 여기서 결합의 부재는 샘플 내 SARS-CoV-2의 부재를 나타낸다.

[1594] 한 실시양태에서, 항체는 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된다.

[1595] 한 실시양태에서, 샘플은 SARS-CoV-2로 감염되었거나 또는 감염된 것으로 의심되고/거나 COVID-19의 1종 이상의 증상을 나타내는 인간으로부터 수득되었다. 한 실시양태에서, 샘플은 혈청, 혈장 또는 전혈 샘플, 경구 또는 비강 스왑, 소변, 대변 또는 뇌척수액 (CFS)이거나, 또는 샘플은 임의의 의심되는 SARS-CoV-2 감염된 기관 또는 조직으로부터의 것이다.

[1596] 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 사용을 위한 진단 키트 또는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 방법은 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체 및 임의로 1종 이상의 완충 용액을 포함할 수 있다. 한 실시양태에서,

진단 키트는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 항체를 포함하는 제1 시약, 및 제1 시약에 결합하는 검출기 분자를 포함하는 제2시약을 포함한다.

[1597] 한 실시양태에서, 검출기 분자는 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 항체이다.

도면의 간단한 설명

[1598] 도 1:

도 1은 SARS-CoV-2 바이러스 삼량체 스파이크 단백질 (S)의 단일 단량체를 도시한다.

도 2a-2b:

SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 아미노산 서열 (신생 폴리펩티드에 대한 잔기 넘버링). 신호 펩티드 (잔기 1-13, 볼드체 이탤릭체)는 분비 전에 절단된다. 성숙 동안 폴리펩티드는 S1/S2 절단 부위 (잔기 681-686, 박스표시됨)에서 서브유닛 S1 (잔기 14-685) 및 S2 (잔기 686-1273, 볼드체)로 절단된다. 이들 서브유닛은 비-공유 부착된 채로 남아있다. S1 서브유닛은 2개의 기능적 도메인으로 추가로 세분된다: N-말단 도메인 (NTD) (잔기 14-306, 파상 밑줄표시됨) 및 수용체 결합 도메인 (RBD) (잔기 331-528, 밑줄표시됨). S2 서브유닛은 막횡단-도메인 (잔기 1212-1234, 볼드체 밑줄표시됨)을 함유하고; 스파이크의 엑토도메인 (ECD)은 서브유닛 S1 및 S2의 모든 막-원위 잔기 (잔기 1-1211)를 함유한다. 분비 후에, 단백질은 세포 부착 시에 S2' 절단 부위 (잔기 815-816)에서 추가로 절단되어, 바이러스의 세포 내로의 진입을 유도하는 스파이크 단백질의 입체형태적 변화를 개시한다. 시험관내 검정에서 단백질이 자발적으로 입체형태를 변화시키는 것을 방지하기 위해, 이중-프롤린 돌연변이 (잔기 986-987, 파선 박스)를 도입하여 단백질을 그의 융합전 배위로 안정화시켰다. 도 2a는 야생형 스파이크 단백질 아미노산 서열을 도시한다. 도 2b는 치환 K986P 및 V987P를 함유하는 조작된 스파이크 단백질 서열을 도시한다.

도 3a-3z:

서열 상동성에 기초한 예시적인 항-SARS-CoV-2 항체 및 그의 형제 항체를 보여주는 예시적인 항-SARS-CoV-2 항체 경쇄 및 중쇄 아미노산 서열의 정렬. 요약하면, 클러스터를 하기와 같이 생성하였다: B 세포를 면역화된 마우스로부터 단리하고, 그의 항체-코딩 서열을 회수하였다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인의 서열을 비교함으로써, 본 발명자들은 계통 내의 B 세포의 패밀리에 상응하는 서열의 클러스터를 확인하였다. 이들 클러스터는 그의 중쇄 및 경쇄 가변 도메인 내 동일한 v 및 j 유전자 절편 및 동일한 HCDR3 길이를 공유한다. 이들의 추론된 생체내 진화적 관계를 고려해 볼 때, 클러스터 내의 모든 형제 항체는, 특히 항원 특이적 분류에 의해 회수된 B 세포로부터 형제 항체를 수득한 경우에, 심지어 이러한 형제 항체에 대한 검정 데이터가 본원에 제공되지 않더라도, 유사한 정성적 특성, 예컨대 에피토프 결합 및 작용 방식을 공유할 것으로 예상될 수 있다.

도 4:

HTRF에 의해 결정된 바와 같은 본원에 기재된 예시적인 항체의 결합 특성을 보여주는 다이어그램.

도 5:

RBD 결합 ACE2 경쟁 항체 mAb A, mAb B, mAb C 및 SAD S35에 의한 SARS CoV-2 슈도바이러스의 중화.

도 6:

RBD ACE2 경쟁 항체에 의한 SARS CoV2 슈도바이러스의 중화. 그래프는 단지 비교자 항체 mAb A, mAb B, mAb C 및 SAD S35 (파선)와 등가이거나 또는 그보다 더 강력한 항체만을 보여준다.

도 7:

RBD ACE2 경쟁 항체 SAD-S35 (파선)와 비교한 NTD 결합 항체 4A8에 의한 SARS CoV2 슈도바이러스의 중화.

도 8:

RBD에 결합하지만 ACE2와 경쟁하지 않는 항체에 의한 SARS CoV2 슈도바이러스의 중화. RBD ACE2 경쟁 항체인 SAD-S35가 비교를 위해 포함된다.

도 9:

S2 결합 항체에 의한 SARS CoV2 슈도바이러스의 중화. RBD ACE2 경쟁 항체인 SAD-S35 (파선)가 비교를 위해 포

함된다.

도 10:

HTRF ACE2:삼량체 중화 검정에서의 중화 항체 (IMPI-027) 및 결합 활성을 증가시키는 항체 (IMPI-059)의 예.

도 11:

결합 활성을 증가시키는 항체 IMPI-024 및 IMPI-068 (빈 기호) 및 결합 활성을 감소시키는 비교자 항체 (채워진 기호)에 대한 HTRF ACE2:삼량체 중화 곡선.

도 12:

SPR에 의한 클론의 에피토프 교차-경쟁 비닝. 회색 박스는 2종의 항체가 RBD에의 결합에 대해 서로 경쟁함을 나타내고, 백색 박스는 항체 쌍 사이에 경쟁이 없음을 나타낸다. 흑색 박스는 동일한 항체이기 때문에 검정이 수행되지 않음을 나타낸다.

도 13:

생 바이러스 플라크 중화 검정에서 항체에 대해 수득된 IC50 값. IC50에 대한 로그 스케일을 주목한다. 2종의 대조군 mAb COV2-2196 및 COV2-2130은 현재 (2020년 10월) 임상 후보 치료 항체이다. 단독으로 (즉, 모노클로날 조성물로) 시험된 4종의 IMPI mAb가 또한 제시된다. IMPI-059는 이 검정에서 가장 강력한 항체였다. IMPI-013은 S2 결합 중화 mAb이다. IMPI-017은 326 pM의 IC50을 가졌고, IMPI-004는 86 pM의 IC50을 가졌고, IMPI-059는 26pM의 IC50을 가졌고, IMPI-013은 3.4nM의 IC50을 가졌다.

도 14:

실시예 18의 합포체 억제 검정의 결과.

도 15:

항체 YANG-1401 VH에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 16:

항체 YANG-1401 VL에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 17:

항체 YANG-2107 및 YANG-2108 VH에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 18:

항체 YANG-2107 및 YANG-2108 VL에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 19:

항체 YANG-2111 VH에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 20:

항체 YANG-2111 VL에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 21:

항체 YANG-2203 VH에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 22:

항체 YANG-2203 VL에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 23a-c:

항체 YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208 VH에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 24a-c:

항체 YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208 VL에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 25:

항체 YANG-1112 VH에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

도 26:

항체 YANG-1112 VL에 대한 클러스터 정보를 보여준다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[1599] 정의

[1600] 본원에서 달리 정의되지 않는 한, 과학 기술 용어는 관련 기술분야의 통상의 기술자에 의해 통상적으로 이해되는 의미를 가질 것이다. 추가로, 문맥상 달리 요구되지 않는 한, 단수 용어는 복수를 포함할 것이고, 복수 용어는 단수를 포함할 것이다.

[1601] 단수 용어는 문맥이 달리 명확하게 나타내지 않는 한 복수 지시대상을 포함한다. 유사하게, 단어 "또는"은 문맥이 달리 명확하게 나타내지 않는 한 "및"을 포함하는 것으로 의도된다.

[1602] 본원에 기재된 것과 유사하거나 동등한 방법 및 물질이 본 개시내용의 실시 또는 시험에 사용될 수 있지만, 적합한 방법 및 물질은 하기에 기재된다. 약어 "예를 들어(e.g.)"는 라틴어의 예를 들어(exempli gratia)로부터 유래되고, 비제한적 예를 나타내기 위해 본원에 사용된다. 따라서, 약어 "예를 들어(e.g.)"는 용어 "예를 들어(for example)"와 동의어이다.

[1603] 명세서 및 청구범위에서, 용어 "약"은, 예를 들어 본 개시내용의 예를 기재하는 데 사용된 조성물 중 성분의 양, 농도, 부피, 공정 온도, 공정 시간, 수율, 유량, 압력 등의 값 및 그의 범위를 수식하는 데 사용된다. 용어 "약"은, 예를 들어 화합물, 조성물, 농축물 또는 사용 제제를 제조하는 데 사용된 전형적인 측정 및 취급 절차를 통해; 이들 절차에서의 의도치 않은 오차를 통해; 방법을 수행하는 데 사용된 출발 물질 또는 성분의 제조, 공급원 또는 순도에서의 차이 및 유사한 근사 고려사항을 통해 발생할 수 있는 수치적 양의 변동을 지칭한다. 용어 "약"은 또한 특정한 초기 농도 또는 혼합물을 갖는 제제의 숙성으로 인해 상이한 양 및 특정한 초기 농도 또는 혼합물을 갖는 제제의 혼합 또는 가공으로 인해 상이한 양을 포괄한다. 용어 "약"에 의해 수식되는 경우에, 본원에 첨부된 청구범위는 이들 양에 대한 등가물을 포함한다.

[1604] 본원에 사용된 "투여하다" 또는 "투여"는 신체 외부에 존재하는 물질 (예를 들어, 본원에 제공된 항-SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항체 또는 예를 들어 발현 벡터 내의 그의 코딩 핵산)을, 예컨대 점막, 피내, 정맥내, 근육내 전달, 흡입, 예를 들어 분무 및/또는 본원에 기재되거나 관련 기술분야에 공지된 임의의 다른 물리적 전달 방법에 의해 환자 내로 주사하거나 또는 달리 물리적으로 전달하는 행위를 지칭한다. 질환 또는 그의 증상이 치료되는 경우에, 물질의 투여는 전형적으로 질환 또는 그의 증상의 발병 후에 이루어진다. 질환 또는 그의 증상이 예방되는 경우에, 물질의 투여는 전형적으로 질환 또는 그의 증상의 발병 전에 이루어진다.

[1605] 용어 "항체", "이뮤노글로불린" 또는 "Ig"는 본원에서 상호교환가능하게 사용될 수 있고, 이뮤노글로불린 분자의 가변 영역 내의 적어도 1개의 항원 인식 부위를 통해 표적, 예컨대 단백질, 폴리펩티드, 펩티드, 탄수화물, 폴리뉴클레오티드, 지질 또는 상기의 조합을 인식하고 이에 특이적으로 결합하는 이뮤노글로불린 분자를 의미한다. 본원에 사용된 용어 "항체"는 무손상 폴리클로날 항체, 무손상 모노클로날 항체, 항체 단편 (예컨대 Fab, Fab', F(ab')2 및 Fv 단편), 단일 쇄 Fv (scFv) 돌연변이체, 다중특이적 항체, 예컨대 이중특이적 항체 (이중 결합 항체 포함), 키메라 항체, 인간화 항체, 인간 항체, 항체의 항원 결정 부분을 포함하는 융합 단백질, 및 항체가 목적하는 생물학적 활성을 나타내는 한 항원 인식 부위를 포함하는 임의의 다른 변형된 이뮤노글로불린 분자를 포괄한다. 용어 "항체"는 또한 4개의 폴리펩티드 쇄: 2개의 경쇄 (L) 및 2개의 중쇄 (H)로 구성된, 분자량이 대략 150 kDa인 Y-형상 당단백질을 지칭할 수 있다. 그리스 문자 알파 (α), 델타 (δ), 엡실론 (ε), 감마 (γ) 및 뮤 (μ)로 표시되는 5종의 유형의 포유동물 Ig 중쇄 이소형이 존재한다. 중쇄의 유형이 항체의 부류, 즉 각각 IgA, IgD, IgE, IgG 및 IgM을 정의한다. γ 및 α 부류는 불변 도메인 서열 및 기능의 차이에 기초하여 하위부류, 예를 들어 IgG1, hIgG2, mIgG2A, mIgG2B, IgG3, IgG4, IgA1 및 IgA2로 추가로 나뉜다. 포유동물에서, 2종의 유형의 이뮤노글로불린 경쇄, λ 및 κ가 존재한다. 항체의 "가변 영역" 또는 "가변 도메인"은 항체의 중쇄 또는 경쇄의 아미노-말단 도메인을 지칭한다. 중쇄 및 경쇄의 가변 도메인은 각각 "VH" 및 "VL"로 지칭될 수 있다. 이들 도메인은 일반적으로 (동일한 부류의 다른 항체에 비해) 항체의 가장 가변적인 부분이고, 항원 결합 부위를 함유한다. 항체의 예는 중쇄의 이량체 (5'-VH-(임의적인 힌지)-CH2-CH3-3')를

포함하고 경쇄가 없는 중쇄-단독 (즉, H2) 항체이다.

[1606] 본원에 기재된 항체는 올리고클로날, 폴리클로날, 모노클로날 (전장 모노클로날 항체 포함), 낙타화, 키메라, CDR-그라프트된, 다중-특이적, 이중-특이적 (이중-결합 항체 포함), 촉매, 키메라, 인간화, 완전 인간, 항-이디오타입 (가용성 또는 결합된 형태로 표지될 수 있는 항체 포함), 뿐만 아니라 그의 단편, 변이체 또는 유도체 (단독으로 또는 공지된 기술에 의해 제공된 다른 아미노산 서열과 조합됨)일 수 있다. 항체는 임의의 종으로부터의 것일 수 있다. 본원에 기재된 항체는 네이키드이거나 또는 다른 분자, 예컨대 독소, 방사성동위원소 등에 접합될 수 있다.

[1607] 용어 "항원 결합 도메인", "항원 결합 영역", "항원 결합 단편" 및 유사한 용어는 항원과 상호작용하고 항원에 대한 그의 특이성 및 친화도를 결합제에 부여하는 아미노산 잔기 (예를 들어, 상보성 결정 영역 (CDR))를 포함하는 항체의 부분을 지칭한다. 항원 결합 영역은 임의의 동물 종, 예컨대 설치류 (예를 들어 토끼, 래트 또는 햄스터) 및 인간으로부터 유래될 수 있다. 바람직하게는, 항원 결합 영역은 인간 기원의 것일 것이다.

[1608] 본원에 기재된 항원 결합 단편은 단일-쇄 Fv (scFv), 단일-쇄 항체, 단일 도메인 항체, 도메인 항체, Fv 단편, Fab 단편, F(ab') 단편, F(ab')2 단편, 목적하는 생물학적 활성을 나타내는 항체 단편, 디술피드-안정화된 가변 영역 (dsFv), 이량체 가변 영역 (디아바디), 항-이디오타입 (항-Id) 항체 (예를 들어, 항체에 대한 항-Id 항체 포함), 인트라바디, 선형 항체, 단일-쇄 항체 분자 및 상기 중 어느 것의 항체 단편 및 에피토프-결합 단편으로부터 형성된 다중특이적 항체를 포함할 수 있다. 특히, 본원에 기재된 항체 및 항체 단편은 이뮤노글로불린 분자 및 이뮤노글로불린 분자의 면역학적 활성 단편, 즉 항원-결합 부위를 함유하는 분자를 포함할 수 있다. 효소 파파인에 의한 항체의 분해는 "Fab" 단편으로도 또한 공지된 2개의 동일한 항원-결합 단편 및 항원-결합 활성을 갖지 않지만 결정화하는 능력을 갖는 "Fc" 단편을 생성한다. 본원에 사용된 경우의 "Fab"는 각각의 중쇄 및 경쇄의 1개의 불변 및 1개의 가변 도메인을 포함하는 항체의 단편을 지칭한다. 본원에서 용어 "Fc 영역"은 천연-서열 Fc 영역 및 변이체 Fc 영역을 포함한, 이뮤노글로불린 중쇄의 C-말단 영역을 정의하는 데 사용된다. "Fc 단편"은 디술피드에 의해 함께 유지되는 두 H 쇄의 카르복시-말단 부분을 지칭한다. 항체의 이펙터 기능은 Fc 영역 내의 서열에 의해 결정되며, 이 영역은 또한 특정 유형의 세포 상에서 발견되는 Fc 수용체 (FcR)에 의해 인식된다. 효소 펩신에 의한 항체의 분해는 항체 분자의 2개의 아암이 연결되어 남아있고 2개-항원 결합 부위를 포함하는 F(ab')2 단편을 생성한다. F(ab')2 단편은 항원을 가교시키는 능력을 갖는다.

[1609] 본원에 사용된 경우의 "Fv"는 항원-인식 부위 및 항원-결합 부위 둘 다를 보유하는 항체의 최소 단편을 지칭한다. 이 영역은 단단하게 비-공유 또는 공유 회합된 1개의 중쇄 가변 도메인 및 1개의 경쇄 가변 도메인의 이량체로 이루어진다. 각각의 가변 도메인의 3개의 CDR이 상호작용하여 VH-VL 이량체의 표면 상에 항원-결합 부위를 규정하는 것이 이 구성이다. 집합적으로, 6개의 CDR은 항체에 항원-결합 특이성을 부여한다. 그러나, 심지어 단일 가변 도메인 (또는 항원에 특이적인 단지 3개의 CDR만을 포함하는 Fv의 절반)도 전체 결합 부위보다 더 낮은 친화도이긴 하지만 항원을 인식하고 이에 결합하는 능력을 갖는다.

[1610] 본원에 사용된 용어 "모노클로날 항체"는 실질적으로 동종인 항체 집단으로부터 수득된 항체를 지칭하며, 즉 이러한 집단에 포함되는 개별 항체는 미량으로 존재할 수 있는 가능한 자연 발생 돌연변이 및/또는 번역후 변형 (예를 들어 이성질체화, 아미드화)을 제외하고는 동일하다. 모노클로날 항체는 고도로 특이적이고 단일 항원 결정기 또는 에피토프에 대해 지시된다. 대조적으로, 폴리클로날 항체 제제는 전형적으로 상이한 항원 결정기 (또는 에피토프)에 대해 지시된 상이한 항체를 포함한다. 본원에 사용된 용어 "모노클로날 항체"는 무손상 및 전장 모노클로날 항체 둘 다 뿐만 아니라 항체 단편 (예컨대 Fab, Fab', F(ab')2, Fv), 단일 쇄 (scFv) 돌연변이체, 항체 부분을 포함하는 융합 단백질 및 항원 인식 부위를 포함하는 임의의 다른 변형된 이뮤노글로불린 분자를 포괄한다. 추가로, "모노클로날 항체"는 하이브리도마, 파지 선택, 재조합 발현 및 트랜스제닉 동물을 포함하나 이에 제한되지는 않는 임의의 수의 방식으로 제조된 이러한 항체를 지칭한다.

[1611] 본원의 모노클로날 항체는 중쇄 및/또는 경쇄의 부분이 특정한 종으로부터 유래되거나 특정한 항체 부류 또는 하위부류에 속하는 항체의 상응하는 서열과 동일하거나 상동이고, 한편 쇄(들)의 나머지는 또 다른 종으로부터 유래되거나 또 다른 항체 부류 또는 하위부류에 속하는 항체의 상응하는 서열과 동일하거나 상동인 "키메라" 항체 (이뮤노글로불린), 뿐만 아니라 목적하는 생물학적 활성을 나타내는 이러한 항체의 단편을 포함할 수 있다.

[1612] 용어 "인간화 항체"는 비-인간 이뮤노글로불린 (공여자 항체)으로부터의 "초가변 영역"이 인간 이뮤노글로불린 (수용자 항체) 내의 초가변 영역으로부터의 잔기를 대체한 키메라 항체의 하위세트를 지칭한다. 일반적으로, 인간화 항체는 적어도 1개, 전형적으로 2개의 가변 도메인을 실질적으로 모두 포함할 것이며, 여기서 모든 또는 실질적으로 모든 초가변 루프는 비-인간 이뮤노글로불린 서열의 것에 상응하고, 프레임워크 영역이 항체 성능,

예컨대 결합 친화도, 이성질체화, 면역원성 등을 개선시키는 1개 이상의 치환을 포함할 수 있긴 하지만, 모든 또는 실질적으로 모든 프레임워크 영역은 인간 이뮤노글로불린 서열의 것이다.

[1613] 용어 "이중특이적 항체"는 2개의 표적 분자에 대한 특이성을 포함하는 항체를 의미하고, 포맷, 예컨대 DVD-Ig (문헌 [DiGiammarino et al., "Design and generation of DVD-Ig™ molecules for dual-specific targeting", Meth. Mo. Biol., 2012, 889, 145-156] 참조), mAb2 (WO2008/003103 참조, mAb2 포맷의 설명은 본원에 참조로 포함됨), FIT-Ig (WO2015/103072 참조, FIT-Ig 스캐폴드의 설명은 본원에 참조로 포함됨), mAb-dAb, 독 앤 락, Fab-아암 교환, 시드바디, 트리오맙, LUZ-Y, Fcab, κλ-바디, 직교 Fab, sc디아바디-Fc, 디아바디-Fc, 탠덤 scFv-Fc, Fab-scFv-Fc, Fab-scFv, 인트라바디, BiTE, 디아바디, DART, 탠드Ab, sc디아바디, sc디아바디-CH3, 디아바디-CH3, 트리플 바디, 미니안티바디, 미니바디, TriBi 미니바디, scFv-CH3 KIH, scFv-CH-CL-scFv, F(ab')2-scFv, scFv-KIH, Fab-scFv-Fc, 4가 HCab, ImmTAC, 노브-인-홀, 공통 경쇄를 갖는 노브-인-홀, 공통 경쇄 및 전하 쌍을 갖는 노브-인-홀, 전하 쌍, 공통 경쇄를 갖는 전하 쌍, DT-IgG, 듀타맙, IgG(H)-scFv, scFv-(H)IgG, IgG(L)-scFv, scFv-(L)IgG, IgG(L,H)-Fv, IgG(H)-V, V(H)-IgG, IgG(L)-V, V(L)-IgG, KIH IgG-scFab, 2scFv-IgG, IgG-2scFv, scFv4-Ig 및 지바디를 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 이중특이적 포맷의 검토를 위해, 문헌 [Spiess, C., et al., Mol. Immunol. (2015)]을 참조한다. 또 다른 예에서, 이중특이적 분자는 또 다른 비-Ig 포맷, 예를 들어 T-세포 수용체 결합 도메인; 이뮤노글로불린 슈퍼패밀리 도메인; 무악류 가변 림프구 수용체; 피브로넥틴 도메인 (예를 들어, 애드넥틴(Adnectin)™); 항체 불변 도메인 (예를 들어, CH3 도메인, 예를 들어 Fcab™의 CH2 및/또는 CH3) (여기서 불변 도메인은 기능적 CH1 도메인이 아님); scFv; (scFv)2; sc-디아바디; scFab; 센티린 및 CTLA-4로부터 선택된 스캐폴드로부터 유래된 에피토프 결합 도메인 (에비바디(Evibody)™); 리포칼린 도메인; 단백질 A, 예컨대 단백질 A의 Z-도메인 (예를 들어, 아피바디(Affibody)™ 또는 SpA); A-도메인 (예를 들어, 아비머(Avimer)™ 또는 맥시바디(Maxibody)™); 열 쇼크 단백질 (예컨대, GroEI 및 GroES로부터 유래된 에피토프 결합 도메인); 트랜스페린 도메인 (예를 들어, 트랜스-바디); 안키린 반복 단백질 (예를 들어, DARPin™); 콥티드 압타머; C-유형 렉틴 도메인 (예를 들어, 테트라넥틴(Tetranectin)™); 인간 γ-크리스탈린 또는 인간 유비퀴틴 (아필린); PDZ 도메인; 전갈 독소; 및 인간 프로테아제 억제제의 쿠니츠 유형 도메인에 융합된 항체를 포함한다.

[1614] 한 예에서, 이중특이적 항체는 mAb2이다. mAb2는 항원-결합 부위를 형성하도록 조작된 변형된 불변 영역에 융합된 무손상 항체로부터의 VH 및 VL 도메인을 포함하며, "Fcab"로 공지되어 있다. Fcab/mAb2 포맷에 대한 기술은 WO2008/003103에 보다 상세히 기재되어 있고, mAb2 포맷의 설명은 본원에 참조로 포함된다.

[1615] 한 예에서, "이중특이적 항체"는 FIT-Ig 포맷을 포함하지 않는다. 한 예에서, "이중특이적 항체"는 mAb2 포맷을 포함하지 않는다. 한 예에서, "이중특이적 항체"는 FIT-Ig 포맷 또는 mAb2 포맷을 포함하지 않는다.

[1616] 또 다른 예에서, 이중특이적 항체는 "이중 결합 항체"이다. 본원에 사용된 용어 "이중 결합 항체"는 둘 다의 항원-결합 도메인이 VH/VL 쌍에 의해 형성된 이중특이적 항체이고, FIT-Ig (본원에 참조로 포함된 WO2015/103072 참조), mAb-dAb, 독 앤 락, Fab-아암 교환, 시드바디, 트리오맙, LUZ-Y, Fcab, κλ-바디, 직교 Fab, sc디아바디-Fc, 디아바디-Fc, 탠덤 scFv-Fc, Fab-scFv-Fc, Fab-scFv, 인트라바디, BiTE, 디아바디, DART, 탠드Ab, sc디아바디, sc디아바디-CH3, 디아바디-CH3, 트리플 바디, 미니안티바디, 미니바디, scFv-CH3 KIH, scFv-CH-CL-scFv, F(ab')2-scFv, scFv-KIH, Fab-scFv-Fc, 4가 HCab, ImmTAC, 노브-인-홀, 공통 경쇄를 갖는 노브-인-홀, 공통 경쇄 및 전하 쌍을 갖는 노브-인-홀, 전하 쌍, 공통 경쇄를 갖는 전하 쌍, DT-IgG, 듀타맙, IgG(H)-scFv, scFv-(H)IgG, IgG(L)-scFv, scFv-(L)IgG, IgG(L,H)-Fv, IgG(H)-V, V(H)-IgG, IgG(L)-V, V(L)-IgG, KIH IgG-scFab, 2scFv-IgG, IgG-2scFv 및 scFv4-Ig를 포함한다.

[1617] 용어 "초가변 영역", "CDR 영역" 또는 "CDR"은 서열이 초가변적이고/거나 구조적으로 한정된 루프를 형성하는 항체 가변 도메인의 영역을 지칭한다. 일반적으로, 항체의 항원 결합 부위는 6개의 초가변 영역을 포함한다: VH 내의 3개 (CDRH1, CDRH2, CDRH3) 및 VL 내의 3개 (CDRL1, CDRL2, CDRL3). 항체의 중쇄 및 경쇄의 이들 영역은 항체에 항원-결합 특이성을 부여한다. CDR은 카바트(Kabat) 시스템에 따라 정의될 수 있다 (문헌 [Kabat, E. A.et al., 1991, "Sequences of Proteins of Immunological Interest", 5th edit., NIH Publication no. 91-3242, U.S. Department of Health and Human Services] 참조). CDR을 정의하기 위한 다른 시스템, 예컨대 코티아(Chothia) 등에 의해 고안된 시스템 (문헌 [Chothia, C. & Lesk, A. M., 1987, "Canonical structures for the hypervariable regions of immunoglobulins", J. Mol. Biol., 196, 901-917] 참조) 및 IMGT 시스템 (문헌 [Lefranc, M. P., 1997, "Unique database numbering system for immunogenetic analysis", Immunol. Today, 18, 50] 참조)이 사용될 수 있다. 항체는 전형적으로 3개의 중쇄 CDR 및 3개의 경쇄 CDR을 함유한다. 용어 CDR 또는 CDR들은 본원에서 이들 영역 중 1개 또는 여러개를 나타내는 데 사용된다. 관련 기술분야의 통

상의 기술자는 명명법의 상이한 시스템을 용이하게 비교하고 특정한 서열이 CDR로서 정의될 수 있는지 여부를 결정할 수 있다.

[1618] "인간 항체"는 인간에 의해 생산된 항체의 것에 상응하는 아미노산 서열을 보유하고/거나 인간 항체를 제조하기 위한 임의의 기술을 사용하여 제조된 항체이고, 비-인간 항원-결합 잔기를 포함하는 인간화 항체는 구체적으로 배제한다. 용어 "에 특이적으로 결합한다"는 생물학적 분자를 포함한 이종 분자 집단의 존재 하에 표적의 존재를 결정하는, 측정가능하고 재현가능한 상호작용, 예컨대 표적과 항체 사이의 결합을 지칭한다. 예를 들어, 표적 (에피토프일 수 있음)에 특이적으로 결합하는 항체는 다른 표적에 결합하는 것보다 더 큰 친화도, 결합력으로, 더 용이하게 및/또는 더 큰 지속기간으로 이 표적에 결합하는 항체이다. 한 예에서, 비관련 표적에 대한 항체의 결합의 정도는, 예를 들어 방사선면역검정 (RIA)에 의한 측정 시 표적에 대한 항체의 결합의 약 10% 미만이다.

[1619] SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 관련 항원, 예컨대 SARS 및 MERS와 같은 다른 유행성 인간 코로나바이러스의 항원과 교차-반응성일 수 있다. SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는, 예를 들어 면역검정, 비아코어™ 또는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지된 다른 기술에 의해 확인될 수 있다. 항체는 실험 기술, 예컨대 방사선면역검정 (RIA) 및 효소-연결 면역흡착 검정 (ELISA)을 사용하여 결정된 바와 같이 임의의 교차-반응성 항원에 대한 친화도보다 더 높은 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 결합하는 경우에 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합한다. 전형적으로, 특이적 또는 선택적 반응은 배경 신호 또는 잡음의 적어도 2배, 보다 전형적으로 배경의 10배 초과 (예컨대 15배 초과, 20배 초과, 50배 초과 또는 100배 초과)일 것이다. 항체 특이성에 관한 논의에 대해서는, 예를 들어 문헌 [Paul, ed., 1989, Fundamental Immunology Second Edition, Raven Press, New York at pages 332-336]을 참조한다.

[1620] 본원에 사용된 "허가 번호" 또는 "시판 허가 번호"는 특정한 의료 제품 및/또는 조성물이 규제 기관의 관할구역 하의 지역에서 시판되고/거나 판매를 위해 제공될 수 있다는 기관의 결정 시 그 기관에 의해 발행된 번호를 지칭한다. 본원에 사용된 "규제 기관"은, 예를 들어 의료 제품 및/또는 조성물의 안전성 및 효능을 평가하고 주어진 지역에서 이러한 제품 및/또는 조성물의 판매/시판을 제어하는 것을 담당하는 기관 중 하나를 지칭한다. 미국의 미국 식품 의약품국 (FDA) 및 유럽의 유럽 의약품청 (EPA)은 이러한 규제 기관의 2가지 예일 뿐이다. 다른 비제한적 예는 SDA, MPA, MHPRA, IMA, ANMAT, 홍콩 위생국-의약품청, CDSCO, 메드세이프(Medsafe) 및 KFDA를 포함할 수 있다.

[1621] 본원에 사용된 용어 "담체"는 치료제와 함께 투여되는 희석제, 아주반트 (예를 들어, 프로인트 아주반트 (완전 및 불완전)), 부형제 또는 비히클을 지칭한다. 이러한 제약 담체는 멸균 액체, 예컨대 물 및 오일, 예컨대 석유, 동물, 식물 또는 합성 기원의 것, 예컨대 땅콩 오일, 대두 오일, 미네랄 오일, 참깨 오일 등일 수 있다. 물은 제약 조성물이 정맥내로 투여되는 경우에 바람직한 담체이다. 염수 용액 및 수성 덱스트로스 및 글리세롤 용액은 또한 액체 담체로서, 특히 주사가능한 용액을 위해 사용될 수 있다.

[1622] 본원에 사용된 용어 "조성물"은 임의로 명시된 양의 명시된 성분 (예를 들어 항체)을 함유하는 생성물, 뿐만 아니라 임의로 명시된 양의 명시된 성분의 조합으로부터 직접적으로 또는 간접적으로 생성되는 임의의 생성물을 포괄하는 것으로 의도된다.

[1623] 본원에 사용된 용어 "포함하는" 또는 "포함한다"는 방법 또는 조성물에 필수적인 항체, 용도, 조성물, 방법 및 그의 각각의 성분(들)과 관련하여 사용되지만, 필수적이든 아니든 명시되지 않은 요소의 포함에 대해서도 개방되어 있다.

[1624] 용어 "이루어진"은 본원에 기재된 바와 같은 항체, 용도, 조성물, 방법 및 그의 각각의 성분을 지칭하며, 이는 예의 설명에 언급되지 않은 임의의 요소를 배제한다.

[1625] 본원에 사용된 용어 "본질적으로 이루어진"은 주어진 예에 요구되는 요소를 지칭한다. 상기 용어는 그 예의 기본 및 신규 또는 기능적 특징(들)에 실질적으로 영향을 미치지 않는 요소의 존재를 허용한다.

[1626] 본원에 사용된 용어 "이펙터 기능"은 항체 의존성 세포 매개 세포독성 활성 (ADCC), 보체-의존성 세포독성 활성 (CDC) 매개 반응, Fc-매개 식세포작용 또는 항체 의존성 세포성 식세포작용 (ADCP), FcRn 수용체를 통한 항체 재순환, 바이러스 입자의 옵소닌화 및 바이러스 입자 지질 외피의 보체-매개 파괴 중 1종 이상을 지칭하는 것으로 의도된다.

[1627] "유효량"은 필요한 투여량에서 필요한 기간 동안 치료적 또는 예방적 결과를 포함한 목적하는 효과를 달성하는

데 효과적인 양을 지칭한다. "치료 유효량"은 특정한 장애의 측정가능한 개선 또는 예방을 달성하는 데 요구되는 최소 농도를 지칭한다. 본원에서 치료 유효량은 환자의 질환 상태, 연령, 성별 및 체중 및 개체에서 목적하는 반응을 도출하는 항체의 능력과 같은 인자에 따라 달라질 수 있다. 치료 유효량은 또한 항체의 독성 또는 유해 효과를 치료상 유익한 효과가 능가하는 양이다. "예방 유효량"은 필요한 투여량에서 필요한 기간 동안 목적하는 예방적 결과를 달성하는 데 효과적인 양을 지칭한다. 일부 예에서, 항체의 유효량은 약 0.1 mg/kg (대상체의 체중 kg당 항체 mg) 내지 약 100 mg/kg이다. 특정 예에서, 본원에 제공된 항체의 유효량은 약 0.1 mg/kg, 약 0.5 mg/kg, 약 1 mg/kg, 3 mg/kg, 5 mg/kg, 약 10 mg/kg, 약 15 mg/kg, 약 20 mg/kg, 약 25 mg/kg, 약 30 mg/kg, 약 35 mg/kg, 약 40 mg/kg, 약 45 mg/kg, 약 50 mg/kg, 약 60 mg/kg, 약 70 mg/kg, 약 80 mg/kg 약 90 mg/kg 또는 약 100 mg/kg (또는 그 안의 범위)이다. 일부 예에서, 본원에 사용된 "유효량"은 또한 명시된 결과 (예를 들어, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 중화)를 달성하기 위한 항체의 양을 지칭한다.

[1628] 본원에 사용된 용어 "에피토프"는 항체의 1개 이상의 항원 결합 영역에 결합될 수 있고, 동물, 바람직하게는 포유동물, 가장 바람직하게는 인간에서 면역 반응을 도출할 수 있는 항원 또는 면역원성 활성을 갖는, 항원, 예컨대 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 표면 상의 국재화된 영역을 지칭한다. 면역원성 활성을 갖는 에피토프는 동물에서 항체 반응을 도출하는 폴리펩티드의 부분이다. 항원 활성을 갖는 에피토프는 관련 기술분야에 널리 공지된 임의의 방법, 예를 들어 본원에 기재된 면역검정에 의해 결정된 바와 같이 항체가 특이적으로 결합하는 폴리펩티드의 부분이다. 항원 에피토프는 반드시 면역원성일 필요는 없다. 에피토프는 통상적으로 분자의 화학적 활성 표면 기, 예컨대 아미노산 또는 당 측쇄로 이루어지고, 특이적 3차원 구조적 특징뿐만 아니라 특이적 전하 특징을 갖는다. 에피토프에 기여하는 폴리펩티드의 영역은 폴리펩티드의 인접 아미노산일 수 있거나 또는 에피토프는 폴리펩티드의 2개 이상의 비-인접 영역으로부터 함께 모일 수 있다. 에피토프는 항원의 3차원 표면 특징부일 수 있거나 아닐 수 있다. 특정 실시양태에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 에피토프는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 폴리펩티드 (예를 들어, 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 폴리펩티드)의 3차원 표면 특징부이다. 다른 실시양태에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 에피토프는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 폴리펩티드 (예를 들어, 삼량체 형태 또는 단량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 폴리펩티드)의 선형 특징부이다. 본원에 제공된 항체는 단량체 (변성) 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 에피토프, 삼량체 (천연) 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 에피토프, 또는 단량체 (변성) 형태 및 삼량체 (천연) 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 둘 다에 특이적으로 결합할 수 있다. 구체적 예에서, 본원에 제공된 항체는 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 에피토프에 특이적으로 결합하지만, 단량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에는 특이적으로 결합하지 않는다. 특정 실시양태에서, 본원에 제공된 항체는 부분적으로 N-연결된 글리칸과의 상호작용 또는 스파이크 단백질의 또 다른 번역후 변형을 사용함으로써 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다. 따라서, 각각의 에피토프에 대한 결합은 N-연결된 글리칸 또는 번역후 변형을 멀리 이동시켜, 그렇지 않으면 항체 결합을 방지하거나 방해하였을 입체 장애를 제거하거나 감소시키는 것을 수반할 수 있다. 특정 실시양태에서, 본원에 제공된 항체는 단지 S1과 S2 사이의 프라이밍 절단 후 또는 S2' 절단 부위에서의 활성화 절단 후에만 발생하는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다. 본원에 개시된 임의의 항체와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공될 수 있다. 본원에 개시된 IMPI 항체와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공될 수 있다. 본원에 개시된 YANG 항체와 동일한 에피토프에 결합하는 항체가 제공될 수 있다. 이는 임의로 항체와 항원 사이의 접촉점을 확인하기 위해 X선 결정학 또는 다른 미세 맵핑 기술, 예컨대 전자 현미경검사를 사용하여 결정된다. 항체는 본원에 개시된 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 항체는 IMPI 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 항체는 YANG 항체의 풋프린트와 완전히 또는 부분적으로 중첩되는 풋프린트로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 접촉할 수 있다. 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이, 항체 사이의 경쟁은 또한, 예를 들어 SPR을 사용하여 결정될 수 있고, 본 발명의 항체는 스파이크 단백질에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 IMPI 항체 또는 YANG 항체인 IgG 항체와 경쟁할 수 있다 (그의 에피토프에의 결합에 대해 경쟁할 수 있음).

[1629] 본원에 사용된 용어 "부형제"는 약물용 희석제, 비히클, 보존제, 결합제 또는 안정화제로서 통상적으로 사용되는 불활성 물질을 지칭하고, 단백질 (예를 들어 혈청 알부민 등), 아미노산 (예를 들어 아스파르트산, 글루탐산, 리신, 아르기닌, 글리신, 히스티딘 등), 지방산 및 인지질 (예를 들어 알킬 술포네이트, 카프릴레이트 등), 계면활성제 (예를 들어 SDS, 폴리소르베이트, 비-이온성 계면활성제 등), 사카라이드 (예를 들어 수크로스, 말토스, 트레할로스 등) 및 폴리올 (예를 들어 만니톨, 소르비톨 등)을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 또한, 문헌 [Remington's Pharmaceutical Sciences (1990) Mack Publishing Co., Easton, Pa.]을 참조하며, 이는 그 전문이 본원에 참조로 포함된다.

[1630] 본원에 사용된 용어 "융합 단백질"은 항체의 아미노산 서열 및 이종 폴리펩티드 또는 단백질 (즉, 통상 항체의 일부가 아닌 폴리펩티드 또는 단백질 (예를 들어, 비-항-SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원 항체))의 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩티드를 지칭한다. 항체와 관련하여 사용되는 경우의 용어 "융합"은 펩티드 또는 폴리펩티드 또는 그의 단편, 변이체 및/또는 유도체와 이종 펩티드 또는 폴리펩티드의 연결을 지칭한다. 바람직하게는, 융합 단백질은 항-SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항체의 생물학적 활성을 보유한다.

[1631] 항체와 관련하여 사용되는 경우의 용어 "중쇄"는 중쇄 불변 도메인의 아미노산 서열에 기초하여 알파 (α), 델타 (δ), 엡실론 (ε), 감마 (γ) 및 뮤 (μ)로 불리는 5종의 별개의 유형을 지칭한다. 이들 별개의 유형의 중쇄는 널리 공지되어 있고, IgA의 2종의 하위부류, 즉 IgA1 및 IgA2 및 IgG의 4종의 하위부류, 즉 IgG1, IgG2, IgG3 및 IgG4를 포함한, 각각 5종의 부류의 항체, IgA, IgD, IgE, IgG 및 IgM을 일으킨다. 바람직하게는, 중쇄는 인간 중쇄이다. 인간 집단에서, 각각의 이뮤노글로불린 또는 이뮤노글로불린 하위부류의 다수의 중쇄 불변 영역 대립유전자가 존재한다. 이들 대립유전자 변이체의 뉴클레오티드 및 아미노산 서열은 공개적으로 이용가능한 데이터베이스, 예컨대 IMGT, ENSEMBL 스위스-프롯(Swiss-Prot) 및 유니프롯(Uniprot)에서 접근가능하다. 대립유전자 변이체는 또한 다양한 게놈 서열분석 프로젝트에서 확인될 수 있다. 한 예에서, 본원에 개시된 항체는 인간 IGHG1*01, IGHG1*02, IGHG1*03, IGHG1*04 및 IGHG1*05 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)를 포함하나 이에 제한되지는 않는 IgG1 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 중쇄를 포함한다. 한 예에서, 본원에 개시된 항체는 인간 IGHG4*01, IGHG4*02, IGHG4*03 및 IGHG4*04 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)를 포함하나 이에 제한되지는 않는 IgG4 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 단백질을 포함한다. 또 다른 예에서, 중쇄는 IgA 이소형, 인간 IgA1 또는 인간 IgA2이며, 이에 대한 예시적인 아미노산 서열은 표 2에 제시된다. 또 다른 예에서, 중쇄는 불능화 IgG 이소형, 예를 들어 불능화 IgG4이다. 특정 예에서, 항체는 인간 감마 4 불변 영역을 포함한다. 또 다른 예에서, 중쇄 불변 영역은 Fc-γ 수용체에 결합하지 않고, 예를 들어 Leu235Glu 돌연변이를 포함한다. 또 다른 예에서, 중쇄 불변 영역은 안정성을 증가시키기 위해 Ser228Pro 돌연변이를 포함한다. 또 다른 예에서, 중쇄 불변 영역은 IgG4-PE이다. 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체는 마우스 IGHG1*01 또는 IGHG1*02를 포함하나 이에 제한되지는 않는 뮤린 IgG1 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 중쇄 불변 영역을 포함한다.

[1632] 본원에 사용된 용어 "숙주"는 동물, 바람직하게는 포유동물, 가장 바람직하게는 인간을 지칭한다.

[1633] 본원에 사용된 용어 "숙주 세포"는 핵산 분자로 형질감염된 특정한 대상 세포 및 이러한 세포의 자손 또는 잠재적 자손을 지칭한다. 이러한 세포의 자손은 핵산 분자의 숙주 세포 게놈 내로의 통합 또는 후속 세대에서 발생할 수 있는 돌연변이 또는 환경적 영향으로 인해 핵산 분자로 형질감염된 모 세포와 동일하지 않을 수 있다.

[1634] 다른 요법의 투여와 관련하여 용어 "조합하여"는 1종 초과의 요법의 사용을 지칭한다. 용어 "조합하여"의 사용은 요법이 질환을 갖는 대상체에게 투여되는 순서를 제한하지 않는다. 제1 요법은 대상체에 대한 제2 요법의 투여 전에 (예를 들어 1분, 45분, 30분, 45분, 1시간, 2시간, 4시간, 6시간, 12시간, 24시간, 48시간, 72시간, 96시간, 1주, 2주, 3주, 4주, 5주, 6주, 8주 또는 12주 전에), 그와 동시에 또는 그 후에 (예를 들어 1분, 45분, 30분, 45분, 1시간, 2시간, 4시간, 6시간, 12시간, 24시간, 48시간, 72시간, 96시간, 1주, 2주, 3주, 4주, 5주, 6주, 8주 또는 12주 후에) 투여될 수 있다. 임의의 추가의 요법이 다른 추가의 요법과 함께 임의의 순서로 투여될 수 있다. 특정 예에서, 항체는 1종 이상의 요법과 조합되어 투여될 수 있다.

[1635] 본원에 사용된 "주사 장치"는 주사 장치를 사람의 조직, 전형적으로 피하 조직에 일시적으로 유동적으로 커플링시키는 단계를 포함하는 주사를 수행하도록 설계된 장치를 지칭한다. 주사는 소정량의 액체 약물을 조직 내로 투여하고, 주사 장치를 조직으로부터 탈커플링 또는 제거하는 것을 추가로 포함한다. 일부 예에서, 주사 장치는 정맥내 장치 또는 IV 장치일 수 있으며, 이는 표적 조직이 순환계 내의 혈액, 예를 들어 정맥 내의 혈액인 경우에 사용되는 주사 장치의 유형이다. 주사 장치의 통상적이지만 비제한적인 예는 바늘 및 시린지이다.

[1636] 본원에 사용된 "지침서"는 물품의 직접 용기 상의 서면, 인쇄물 또는 그래픽 자료의 디스플레이, 예를 들어 제약 활성제를 함유하는 바이알 상에 디스플레이된 서면 자료 또는 관심 조성물을 함유하는 키트에 포함된 관심 제품의 조성물 및 용도에 대한 세부사항을 지칭한다. 지침서는 투여되거나 수행될 것으로 고려되는 바와 같은 치료 방법을 제시한다.

[1637] "단리된" 또는 "정제된" 항체 또는 단백질은 그의 생산 환경의 성분 (예를 들어, 천연 또는 재조합)으로부터 확인, 분리 및/또는 회수된 것이다. 예를 들어, 항체 또는 단백질은 항체가 유래되는 세포 또는 조직 공급원으로부터의 세포 물질 또는 다른 오염 단백질이 실질적으로 없거나 또는 화학적으로 합성되는 경우에 화학적 전구체 또는 다른 화학물질이 실질적으로 없다. 어구 "세포 물질이 실질적으로 없는"은 항체가 단리되거나 재조합적으

로 생산된 세포의 세포 성분으로부터 분리된 항체의 제제를 포함한다. 따라서, 세포 물질이 실질적으로 없는 항체는 약 30%, 20%, 10% 또는 5% (건조 중량 기준) 미만의 이종 단백질 (본원에서 "오염 단백질"로도 또한 지칭됨)을 갖는 항체의 제제를 포함한다. 항체가 재조합적으로 생산되는 경우에, 이는 또한 바람직하게는 배양 배지가 실질적으로 없으며, 즉 배양 배지는 단백질 제제의 부피의 약 20%, 10% 또는 5% 미만을 나타낸다. 항체가 화학적 합성에 의해 생산되는 경우에, 이는 바람직하게는 화학적 전구체 또는 다른 화학물질이 실질적으로 없으며, 즉 단백질의 합성에 수반되는 화학적 전구체 또는 다른 화학물질로부터 분리된다. 따라서, 이러한 항체 제제는 약 30%, 20%, 10%, 5% (건조 중량 기준) 미만의 관심 항체 이외의 다른 화학적 전구체 또는 화합물을 갖는다. 바람직한 예에서, 항체는 단리 또는 정제된다.

[1638] 용어 "카바트 넘버링" 등의 용어는 관련 기술분야에서 인식되고, 항체 또는 그의 항원 결합 부분의 중쇄 가변 영역 내의 다른 아미노산 잔기보다 더 가변적인 (즉, 초가변적인) 아미노산 잔기를 넘버링하는 시스템을 지칭한다 (Kabat et al., (1971) Ann. NY Acad. Sci., 190:382-391 및 Kabat et al. (1991) Sequences of Proteins of Immunological Interest, Fifth Edition, U.S. Department of Health and Human Services, NIH Publication No. 91-3242). 중쇄 가변 영역에서, 초가변 영역은 전형적으로 CDR1의 경우 아미노산 위치 31 내지 35, CDR2의 경우 아미노산 위치 50 내지 65 및 CDR3의 경우 아미노산 위치 95 내지 102 범위이다.

[1639] 본원에 사용된 "표지" 또는 "표지된"은 폴리펩티드에 대한 검출가능한 모이어티, 예를 들어 방사성표지, 형광 표지, 효소적 표지, 화학발광 표지 또는 비오티닐 기 또는 금의 부가를 지칭한다. 방사성동위원소 또는 방사성 핵종은 3H, 14C, 15N, 35S, 90Y, 99Tc, 115In, 125I, 131I를 포함할 수 있고, 형광 표지는 로다민, 란타나이드 인광체 또는 FITC를 포함할 수 있고, 효소적 표지는 양고추냉이 퍼옥시다제, β-갈락토시다제, 루시페라제, 알칼리성 포스파타제를 포함할 수 있다. 추가의 표지는, 예시로서 및 비제한적으로 하기를 포함한다: 효소, 예컨대 글루코스-6-포스페이트 데히드로게나제 ("G6PDH"), 알파-D-갈락토시다제, 글루코스 옥시다제, 글루코스 아밀라제, 탄산 안히드라제, 아세틸콜린에스테라제, 리소자임, 말레이트 데히드로게나제 및 퍼옥시다제; 염료 (예를 들어 시아닌 염료, 예를 들어 Cy5™, Cy5.5™ 또는 Cy7™); 추가의 형광 표지 또는 형광물질, 예컨대 플루오레세인 및 그의 유도체, 형광색소, GFP ("녹색 형광 단백질"에 대한 GFP), 다른 형광 단백질 (예를 들어 mCherry, mTomato), 단실, 움벨리페론, 피코에리트린, 피코시아닌, 알로피코시아닌, o-프탈알데히드 및 플루오레사민; 형광단, 예컨대 란타나이드 크립테이트 및 킬레이트, 예를 들어 유로퓸 등 (퍼킨 엘머(Perkin Elmer) 및 시스바이오 어세이(Cisbio Assays)); 화학발광 표지 또는 화학발광물질, 예컨대 이소루미놀, 루미놀 및 디옥세탄; 감작제; 조효소; 효소 기질; 입자, 예컨대 라텍스 또는 탄소 입자; 금속 졸; 결정자; 리포솜; 염료, 촉매 또는 다른 검출가능한 기로 추가로 표지될 수 있는 세포 등; 분자, 예컨대 비오틴, 디곡시게닌 또는 5-브로모데옥시우리딘; 독소 모이어티, 예컨대, 예를 들어 슈도모나스 외독소 (PE 또는 그의 세포독성 단편 또는 돌연변이체), 디프테리아 독소 또는 그의 세포독성 단편 또는 돌연변이체, 보툴리눔 독소 A, B, C, D, E 또는 F, 리신 또는 그의 세포독성 단편, 예를 들어 리신 A, 아브린 또는 그의 세포독성 단편, 사포린 또는 그의 세포독성 단편, 미국자리공 항바이러스 독소 또는 그의 세포독성 단편 및 브리오딘 1 또는 그의 세포독성 단편의 군으로부터 선택된 독소 모이어티.

[1640] 항체와 관련하여 사용되는 경우의 용어 "경쇄"는 포유동물에 존재하는 2종의 유형인 람다 (λ) 및 카파 (κ)의 이뮤노글로불린 경쇄를 지칭한다. 바람직하게는, 경쇄는 인간 경쇄이다. 바람직하게는, 경쇄 불변 영역은 인간 불변 영역이다. 인간 집단에서, 다수의 경쇄 불변 영역 대립유전자가 존재한다. 이들 대립유전자 변이체의 뉴클레오티드 및 아미노산 서열은 공개적으로 이용가능한 데이터베이스, 예컨대 IMGT, ENSEMBL 스위스-프롯 및 유니프롯에서 접근가능하다. 한 예에서, 본원에 개시된 항체는 IGKC*01, IGKC*02, IGKC*03, IGKC*04 및 IGKC*05 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)를 포함하나 이에 제한되지는 않는 인간 κ 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 단백질을 포함한다. 한 예에서, 본원에 개시된 항체는 IGLC1*01, IGLC1*02, IGLC2*01, IGLC2*02, IGLC2*03, IGLC3*01, IGLC3*02, IGLC3*03, IGLC3*04, IGLC6*01, IGLC7*01, IGLC7*02 및 IGLC7*03 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)을 포함하나 이에 제한되지는 않는 인간 λ 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 단백질을 포함한다. 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체는 IGKC*01, IGKC*03 또는 IGKC*03 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)을 포함하나 이에 제한되지는 않는 마우스 κ 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 경쇄 불변 영역을 포함한다. 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체는 IGLC1*01, IGLC2*01 또는 IGLC3*01 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)을 포함하나 이에 제한되지는 않는 마우스 λ 불변 영역 대립유전자에 의해 코딩된 경쇄 불변 영역을 포함한다.

[1641] 펩티드, 폴리펩티드 또는 항체 서열에 대한 "퍼센트 (%) 아미노산 서열 동일성"은 서열을 정렬하고 필요한 경우

갭을 도입하여 최대 퍼센트 서열 동일성을 달성한 후, 임의의 보존적 치환은 서열 동일성의 일부로서 간주하지 않으면서, 특정 펩티드 또는 폴리펩티드 서열 내의 아미노산 잔기와 동일한 후보 서열 내의 아미노산 잔기의 백분율로서 정의된다. 퍼센트 아미노산 서열 동일성을 결정하기 위한 목적의 정렬은 관련 기술분야의 기술 내에 있는 다양한 방식으로, 예를 들어 공개적으로 이용가능한 컴퓨터 소프트웨어, 예컨대 BLAST, BLAST-2, ALIGN 또는 MEG ALIGN™ (DNASTAR) 소프트웨어를 사용하여 달성될 수 있다. 한 예에서, % 동일성은 약 70%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 75%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 80%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 85%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 90%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 92%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 95%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 97%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 98%이다. 한 예에서, % 동일성은 약 99%이다. 한 예에서, % 동일성은 100%이다.

[1642] 생물학적 물질, 예컨대 핵산 분자, 폴리펩티드, 숙주 세포 등과 관련하여 사용되는 경우의 용어 "자연 발생" 또는 "천연"은 자연에서 발견되고 인간에 의해 조작되지 않은 것을 지칭한다.

[1643] 본원에 사용된 "패키징"은 성분이 분배 및/또는 사용에 적합한 단위로 조직화 및/또는 구속되는 방법을 지칭한다. 패키징은, 예를 들어 박스, 백, 시린지, 앰플, 바이알, 튜브, 클램쉘 패키징, 멸균성을 유지하기 위한 장벽 및/또는 용기, 라벨링 등을 포함할 수 있다.

[1644] 본원에 사용된 용어 "제약상 허용되는"은 연방 또는 주 정부의 규제 기관에 의해 승인되거나 또는 동물, 보다 특히 인간에서의 사용에 대해 미국 약전, 유럽 약전 또는 다른 일반적으로 인식되는 약전에 열거된 것을 의미한다.

[1645] 본원에 사용된 용어 "폴리뉴클레오티드", "뉴클레오티드", "핵산", "핵산 분자" 및 다른 유사한 용어는 상호교환가능하게 사용되고, DNA, RNA, mRNA 등을 포함한다.

[1646] 본원에 사용된 용어 "예방하다", "예방하는" 및 "예방"은 본원에 제공된 요법 또는 요법의 조합 (예를 들어, 예방제 또는 치료제, 예컨대 항체의 조합)의 투여로부터 유발되는, SARS-CoV-2 관련 질환, 예컨대 COVID-19 및/또는 그와 관련된 증상의 발생, 재발, 발병 또는 확산의 총체적 또는 부분적 억제를 지칭한다.

[1647] 용어 "가용성"은 천연 또는 막-회합 형태로 발견되는 1개 이상의 막횡단 또는 세포질 도메인이 결여되어 있는 폴리펩티드를 지칭한다. 한 예에서, 폴리펩티드의 "가용성" 형태는 막횡단 도메인 및 세포질 도메인 둘 다가 결여되어 있다.

[1648] 용어 "대상체" 또는 "환자"는 포유동물을 포함하나 이에 제한되지는 않는 임의의 동물을 지칭한다. 본원에서 사용되는 용어 "포유동물"은 새끼에게 젖을 먹이고 살아있는 새끼를 낳거나 (진수류 또는 유태반 포유동물) 또는 알을 낳는 (후수류 또는 비태반 포유동물) 임의의 척추동물을 지칭한다. 포유동물 종의 예는 인간 및 다른 영장류, 예를 들어 비-인간 영장류, 예컨대 침팬지 및 다른 유인원 및 원숭이 종; 가축, 예컨대 소, 양, 돼지, 염소 및 말; 집 포유동물, 예컨대 개 및 고양이; 실험실 동물, 예를 들어 설치류, 예컨대 마우스, 래트 (코튼 래트 포함) 및 기니 피그; 조류, 예를 들어 집, 야생 조류 및 사냥 조류, 예컨대 닭, 칠면조 및 다른 가금 조류, 오리, 거위 등을 포함하나 이에 제한되지는 않는다.

[1649] 본원에 사용된 "실질적으로 모든"은 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95%, 적어도 약 98%, 적어도 약 99% 또는 약 100%를 지칭한다.

[1650] 본원에 사용된 용어 "계면활성제"는 양친매성 구조를 갖는 유기 물질을 지칭하며; 즉, 이들은 반대 용해도 경향의 기, 전형적으로 유용성 탄화수소 쇄 및 수용성 이온성 기로 구성된다. 계면활성제는 표면-활성 모이어티의 전하에 따라 음이온성, 양이온성 및 비-이온성 계면활성제로 분류될 수 있다. 계면활성제는 종종 다양한 제약 조성물 및 생물학적 물질의 제제를 위한 습윤제, 유화제, 가용화제 및 분산제로서 사용된다.

[1651] 본원에 사용된 용어 "태그"는, 예를 들어 SARS-CoV-2 항체를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 및/또는 폴리펩티드에 부착된 임의의 유형의 모이어티를 지칭한다. 예를 들어, SARS-CoV-2 항체를 코딩하는 폴리뉴클레오티드는, 예를 들어 검출가능한 모이어티 또는 친화도 정제를 돕는 모이어티를 코딩하는 1개 이상의 추가의 태그-코딩 뉴클레오티드 서열을 함유할 수 있다. 번역되는 경우에, 태그 및 항체는 융합 단백질의 형태일 수 있다. 태그와 관련하여 용어 "검출가능한" 또는 "검출"은 가시화될 수 있거나 또는 그렇지 않으면 태그의 존재가 (예를 들어 정량화에 의해) 결정 및/또는 측정될 수 있는 것인 임의의 태그를 지칭한다. 검출가능한 태그의 비제한적 예는 형광 태그이다.

[1652] 본원에 사용된 용어 "치료제"는 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19 및/또는 그와 관련된 증상의

치료, 관리 또는 호전에 사용될 수 있는 임의의 작용제를 지칭한다. 특정 예에서, 용어 "치료제"는 항체를 지칭한다. 특정의 다른 예에서, 용어 "치료제"는 항체 이외의 다른 작용제를 지칭한다. 바람직하게는, 치료제는 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19 및/또는 그와 관련된 1종 이상의 증상의 치료, 관리 또는 호전에 유용한 것으로 공지되어 있거나 또는 이에 사용된 바 있거나 또는 현재 사용되고 있는 작용제이다. 구체적 예에서, 치료제는 항-SARS-CoV-2 항체이다. 구체적 예에서, 치료제는 완전 인간 항-SARS-CoV-2 항체, 예컨대 완전 인간 SARS-CoV-2 모노클로날 항체이다.

[1653] 본원에 사용된 용어 "요법"은 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19의 예방, 관리, 치료 및/또는 호전에 사용될 수 있는 임의의 프로토콜, 방법 및/또는 작용제를 지칭한다. 특정 예에서, 용어 "요법들" 및 "요법"은 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 의료 인력과 같은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지된 COVID-19의 예방, 관리, 치료 및/또는 호전에 유용한 생물학적 요법, 지지 요법 및/또는 다른 요법을 지칭한다.

[1654] 용어 "치료하다", "치료" 및 "치료하는"은 1종 이상의 요법 (1종 이상의 예방제 또는 치료제, 예컨대 항체의 투여를 포함하나 이에 제한되지는 않음)의 투여로부터 유발되는 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19의 진행, 중증도 및/또는 지속기간의 감소 또는 호전을 지칭한다. 구체적 예에서, 이러한 용어는 ACE2에 대한 SARS-CoV-2의 결합의 감소 또는 억제 및/또는 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19와 연관된 1종 이상의 증상의 억제 또는 감소를 지칭한다.

[1655] 용어 "가변 영역" 또는 "가변 도메인"은 경쇄 및 중쇄의 부분, 전형적으로 중쇄에서는 약 아미노-말단 120 내지 130개의 아미노산 및 경쇄에서는 약 100 내지 110개의 아미노산을 지칭하며, 이는 항체마다 서열이 광범위하게 상이하고 각각의 특정한 항체의 그의 특정한 항원에 대한 결합 및 특이성에 사용된다. 서열의 가변성은 상보성 결정 영역 (CDR)으로 불리는 영역에 집중되는 반면 가변 도메인 내의 보다 고도로 보존된 영역은 프레임워크 영역 (FR)으로 불린다. CDR이 주로 항체와 항원의 상호작용을 담당한다. 본원에 사용된 아미노산 위치의 넘버링은 IMGT에 따른다 (Lefranc MP "IMGT unique numbering for immunoglobulin and T cell receptor variable domains and Ig superfamily V-like domains", Dev. Comp. Immunol. 27(1):55-77 (2003)). 바람직한 예에서, 가변 영역은 인간 가변 영역이다.

[1656] 세포 생물학 및 분자 생물학에서의 통상 용어의 정의는 문헌 ["The Merck Manual of Diagnosis and Therapy", 19th Edition, published by Merck Research Laboratories, 2006 (ISBN 0-911910-19-0); Robert S. Porter et al. (eds.), The Encyclopedia of Molecular Biology, published by Blackwell Science Ltd., 1994 (ISBN 0-632-02182-9); Benjamin Lewin, Genes X, published by Jones & Bartlett Publishing, 2009 (ISBN-10: 0763766321); Kendrew et al. (Eds.), Molecular Biology and Biotechnology: a Comprehensive Desk Reference, published by VCH Publishers, Inc., 1995 (ISBN 1-56081-569-8) 및 Current Protocols in Protein Sciences 2009, Wiley Intersciences, Coligan et al., eds]에서 찾아볼 수 있다.

[1657] 달리 언급되지 않는 한, 본 개시내용은, 예를 들어 문헌 [Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual (4 ed.), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., USA (2012); Davis et al., Basic Methods in Molecular Biology, Elsevier Science Publishing, Inc., New York, USA (1995); 또는 Methods in Enzymology: Guide to Molecular Cloning Techniques Vol.152, S. L. Berger and A. R. Kimmel Eds., Academic Press Inc., San Diego, USA (1987); Current Protocols in Protein Science (CPPS) (John E. Coligan, et al., ed., John Wiley and Sons, Inc.), Current Protocols in Cell Biology (CPCB) (Juan S. Bonifacino et al. ed., John Wiley and Sons, Inc.), 및 Culture of Animal Cells: A Manual of Basic Technique by R. Ian Freshney, Publisher: Wiley-Liss; 5th edition (2005), Animal Cell Culture Methods (Methods in Cell Biology, Vol. 57, Jennie P. Mather and David Barnes editors, Academic Press, 1st edition, 1998)] (이들은 모두 그 전문이 본원에 참조로 포함됨)에 기재된 바와 같은 표준 절차를 사용하여 수행되었다.

[1658] 다른 용어는 본 개시내용의 다양한 예의 설명 내에서 본원에 정의된다.

[1659] 항-SARS-COV-2 항체

[1660] 본원에 기재된 항체는 하기 개념, 측면, 문장, 배열 및 실시양태에 관하여 기재된다. 달리 언급되지 않는 한, 모든 개념, 실시양태, 문장, 배열 및 측면은 임의의 다른 개념, 측면, 문장, 배열 또는 실시양태와 조합될 수 있는 것으로 읽혀져야 하며, 이러한 조합이 기술적 의미를 가지지 않거나 또는 달리 명백하게 언급되지 않는 한 그러하다.

[1661] 결합 - 위치:

[1662] SARS-CoV-2의 스파이크 단백질에 특이적으로 결합하는 항체가 제공된다. 특히, SARS-CoV-2가 세포에 진입하는 것을 억제하거나 방지하는 중화 항체가 제공된다. 일부 측면에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛에 특이적으로 결합한다. 예를 들어, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 결합할 수 있다. RBD에 결합하는 이러한 항체는 SARS-Cov-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁할 수 있거나 경쟁하지 않을 수 있고, 따라서 SARS-CoV-2가 그의 수용체 ACE2에 결합하는 것을 직접적으로 억제할 수 있거나 억제하지 않을 수 있다. 대안적으로, 항체는 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합할 수 있다. 대안적으로, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합할 수 있다.

[1663] 스파이크 단백질 및 그의 도메인 및 서브유닛 구조가 도 1, 도 2a 및 도 2b에 예시되고, 본원에서 S1 서브유닛, S2 서브유닛, RBD, NTD, 세포외 도메인 및 삼량체에 대한 언급은 달리 언급되지 않는 한 또는 문맥에 의해 나타내지 않는 한 도 2a에서의 야생형 스파이크 단백질을 지칭한다. 유행병이 확산됨에 따라, 다양한 돌연변이를 포함하는 엄청난 수의 상이한 SARS-CoV-2 균주가 현재 집단 내에 많고, 이들은 도 2a의 정의된 야생형에 비해 다수의 돌연변이를 갖는 스파이크 단백질을 포함한다는 것이 인지될 것이다. 하나의 이러한 돌연변이는 D614G (즉, 스파이크 단백질의 잔기 614에서의 아스파르트산의 글리신으로의 치환)이며, 이는 현재 SARS-CoV-2의 대다수의 임상 분리주에 존재한다. 바람직하게는, 본 발명의 항체는 적어도 SARS-CoV-2 614D에 결합하는 친화도로 SARS-CoV-2 D614G에 결합한다. 이 잔기는 RBD와 S2 도메인 사이에 있고, 따라서 이들 도메인의 가용성 제제에 존재하지 않지만, 항-RBD 및 항-S2 항체는 D614G 형태에 대한 결합의 유지를 확인하기 위해 스파이크 단백질 삼량체에의 결합에 대해 시험될 수 있다. 유사하게, 중화 효력을 확인하기 위해 SARS-CoV-2 스파이크 D614G로 중화 검정이 수행될 수 있다.

[1664] 본 발명의 항체는 단리된 가용성 RBD 서브유닛에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-RBD IMPI 항체, 예컨대 IMPI-059, IMPI-017 또는 IMPI-004와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1665] 본 발명의 항체는 단리된 가용성 RBD 서브유닛에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-RBD YANG 항체, 예컨대 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2111 및 YANG-1401과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1666] 본 발명의 항체는 단리된 가용성 S2 서브유닛에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-S2 IMPI 항체, 예컨대 IMPI-013과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1667] 본 발명의 항체는 단리된 가용성 S2 서브유닛에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-S2 YANG 항체, 예컨대 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 또는 YANG-2208과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1668] 본 발명의 항체는 단리된 가용성 S2 서브유닛에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-NTD YANG 항체, YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306과 경쟁하는 것일 수 있다.

[1669] 본 발명의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 삼량체에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 IMPI 항체와, 임의로 "삼량체-단독" 결합 항체와 경쟁하는 것일 수 있다.

[1670] 분자들 사이의 경쟁을 결정하는 방법은 본원의 다른 곳에 기재되어 있고 (예를 들어, SPR), IgG 포맷 또는 임의로 scFv 포맷의 시험 항체 및 IMPI 항체를 사용하여 수행될 수 있다.

[1671] 분자들 사이의 경쟁을 결정하는 방법은 본원의 다른 곳에 기재되어 있고 (예를 들어, SPR), IgG 포맷 또는 임의로 scFv 포맷의 시험 항체 및 YANG 항체를 사용하여 수행될 수 있다.

[1672] 결합 - 측정:

[1673] 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합하는지 여부를 결정하기 위해 임의의 적합한 방법이 사용될 수 있다. 이러한 방법은 항체의 특이성을 결정하기 위해 표면 플라즈몬 공명 (SPR), 생물층 간섭측정법 또는 ELISA를 포함할 수 있다. 항체는 항원에 대한 결합 수준이 대조군 항원에 대한 결합보다 적어도 2.5배 더 큰 경우에, 예를 들어 적어도 10배 더 큰 경우에 그의 항원에 결합하는 것으로 언급될 수 있다. 항체와 그의 동족 항원 사이의 결합은 종종 특이적 결합으로 지칭된다. 항체에 의해 결합된 잔기의 정확한 확인은 통상적으로 X선 결정학을 사용하여 얻을 수 있다. 이 기술은 본원에 기재된 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 1개 이상의 잔기에 결합하는지를 결정하는 데 사용될 수 있다.

[1674] 항체의 그의 표적 항원에 결합하는 능력 및 그 결합의 특이성 및 친화도 (KD, Kd 및/또는 Ka)는 관련 기술분야의 임의의 상용 방법에 의해, 예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)을 사용하여, 예컨대 비아코어™ (시티바 라이프 사이언시스(Cytiva Life Sciences))에 의해 또는 프로테온(ProteOn) XPR36™ (바이오-라드(Bio-Rad)®)을 사용하여, 키넥사(KinExA)® (사피다인 인스트루먼츠, 인크.(Sapidyne Instruments, Inc.))를 사용하여 또는 포르테바이오 옥테트(ForteBio Octet) (폴 포르테바이오 코포레이션(Pall ForteBio Corp.))을 사용하여 결정될 수 있다.

[1675] 본원에 사용된 용어 "KD"는 특정한 항체-항원 상호작용의 평형 해리 상수를 지칭하는 것으로 의도된다. 항체-항원 결합의 친화도는, 예를 들어 SPR에 의해 결정될 수 있다. 친화도는 또한 생물층 간섭측정법에 의해 결정될 수 있다. SPR에 의한 친화도 결정의 예는 본원의 실시예 6에 제공된다. 일부 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 1 mM 이하, 바람직하게는 50 nM 미만, 40 nM 미만, 30 nM 미만, 20 nM 미만의 친화도 (KD)로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다. 다른 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 10 nM 미만 (예를 들어 9 nM 미만, 8 nM 미만, 7 nM 미만, 6 nM 미만, 5 nM 미만, 4 nM 미만, 3 nM 미만, 2 nM 미만 또는 1 nM 미만)의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다. 바람직하게는, KD는 SPR에 의해 결정 시 1 nM 미만일 수 있다. KD는 SPR에 의해 결정 시 0.9 nM 이하, 0.8 nM 이하, 0.7 nM 이하, 0.6 nM 이하, 0.5 nM 이하, 0.4 nM 이하, 0.3 nM 이하, 0.2 nM 이하 또는 0.1 nM 이하일 수 있다. 일부 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 0.1nM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다. 일부 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 50pM 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다. 결합 및 결합 친화도는 다양한 정제된 스파이크 단백질 및 서브-도메인, 예를 들어 야생형 삼량체 스파이크 단백질 (도 2a), 프롤린 돌연변이에 의해 안정화된 삼량체 (도 2b), 임상 분리주에서 관찰된 삼량체 스파이크 단백질에 대한 돌연변이, 예를 들어 D614G, 삼량체의 발현 및 정제된 서브-도메인, 예컨대 S1 서브유닛 또는 S2 서브유닛 또는 수용체 결합 도메인 (RBD) 또는 N-말단 도메인 (NTD) 또는 임상 분리주로부터 관찰된 돌연변이를 갖는 임의의 상기 서브-도메인에 대해 결정될 수 있다. 항체 에피토프가 선형 연속 에피토프인 경우에, 이때 결합 및 결합 친화도는 합성의 정제된 펩티드 서열을 사용하여 결정될 수 있다.

[1676] 한 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 1 nM 미만 (예를 들어 1 nM 내지 0.01 pM 또는 1 nM 내지 0.1 pM 또는 1 nM 내지 1pM)의 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합한다. 한 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 10 nM 미만 (예를 들어 10 nM 내지 0.01 pM 또는 10 nM 내지 0.1 pM 또는 10 nM 내지 1pM)의 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합한다. 한 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 0.1 nM 미만 (예를 들어 0.1 nM 내지 0.01 pM 또는 0.1 nM 내지 0.1 pM 또는 0.1 nM 내지 1pM)의 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합한다. 한 예에서, 항체는 SPR에 의해 결정 시 0.01 nM 미만 (예를 들어 0.011 nM 내지 0.01 pM 또는 0.01 nM 내지 0.1 pM)의 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합한다. 또 다른 예에서, KD는 SPR에 의해 결정 시 0.01 내지 1 nM의 범위 또는 0.05 내지 2 nM의 범위 또는 0.05 내지 1nM의 범위 내이다.

[1677] 한 예에서, SPR은 25℃에서 수행된다. 적합한 SPR 프로토콜은 실시예 6에 상세히 제시된다. 간략하게, 항체의 친화도는 SPR을 사용하여 하기와 같이 결정될 수 있다:

[1678] 1. 마우스 항-인간 (또는 다른 관련 인간, 래트 또는 비-인간 척추동물 항체 불변 영역 종-매칭된) IgG를 바이오센서 칩 (예를 들어 덱스트란-코팅된 금 칩)에, 예컨대 1급 아민 커플링에 의해 커플링시킨다. 따라서, 항-Fc 항체는 아민 커플링을 사용하여 칩 표면 상에 공유적으로 고정화될 수 있다;

[1679] 2. 마우스 항-인간 IgG (또는 다른 매칭된 종 항체)를 시험 항체 (예를 들어, 인간 IgG 포맷)에 노출시켜 칩 상의 시험 항체를 포획한다;

[1680] 3. 시험 항원을 최대 100 nM 이하, 예를 들어 0.39, 1.56, 6.25, 25 및 100 nM의 일련의 농도로 칩의 포획 표면 상에 통과시키고, 0 nM (즉, 완충제 단독) 대조군을 실행한다. 완충제는 임의로 pH 7.4로 완충된, 수용액 중 0.01 M HEPES (4-(2-히드록시에틸)-1-피페라진에탄술폰산), 0.15 M NaCl 및 0.05% v/v 계면활성제 P20일 수 있다; 및

[1681] 4. 표면 플라즈몬 공명을 사용하여 시험 항원에 대한 시험 항체의 결합 친화도를 결정한다. 이어서, KD, Ka 및 Kd를 계산할 수 있다.

[1682] SPR은 임의의 표준 SPR 장치를 사용하여, 예컨대 비아코어™에 의해 또는 프로테온 XPR36™ (바이오-라드®)을 사용하여 수행될 수 있다.

[1683] 포획 표면의 재생은 3 M 염화마그네슘 용액을 사용하여 수행될 수 있다. 이는 포획된 시험 항체를 제거하고,

표면이 또 다른 상호작용에 사용되도록 한다. 결합 데이터는 표준 기술을 사용하여, 예를 들어 분석 소프트웨어, 예컨대 비아코어 인사이트 평가 소프트웨어를 사용하여 고유한 1:1 모델에 피팅될 수 있다.

[1684] 교차-반응성:

[1685] 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 다른 항원과 교차-반응하지 않는다 (그러나, 임의로 SARS-CoV 스파이크 단백질 및/또는 MERS-CoV 스파이크 단백질과 교차-반응할 수 있음). 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 기존 풍토병성 계절성 코로나바이러스 (NL63, 229E, OC43 및 HKU1)와 교차 반응하지 않는다.

[1686] 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 SARS-CoV 스파이크 단백질과 교차-반응한다. 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 MERS 스파이크 단백질과 교차-반응한다. 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 SARS-CoV 스파이크 단백질 및 MERS 스파이크 단백질과 교차-반응한다.

[1687] SARS-CoV-2 스파이크 단백질 항원에 특이적으로 결합하고 SARS-CoV 스파이크 단백질 및/또는 MERS 스파이크 단백질과 교차-반응하는 항체의 경우, 일부 예에서, 항체는 (예를 들어, SPR에 의해 측정 시) SARS-CoV 스파이크 단백질 및/또는 MERS 스파이크 단백질보다 적어도 10배 더 큰 결합 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어, SPR에 의해 측정 시) SARS-CoV 스파이크 단백질 및/또는 MERS 스파이크 단백질보다 적어도 20배 더 큰 결합 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어, SPR에 의해 측정 시) SARS-CoV 스파이크 단백질 및/또는 MERS 스파이크 단백질보다 적어도 50배 더 큰 결합 친화도로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 결합할 수 있다.

[1688] 기능 - 억제, 중화 등:

[1689] 본원에 기재된 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 기능을 억제하여 감염을 방지하기 위한 요법 및 예방에 유용한 억제 항체이다. 한 예에서, 항체는 SARS-CoV-2가 세포에 진입하는 것을 억제하거나 방지한다. 한 예에서, 항체는 중화 항체이다. 일부 예에서, 항체는 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 결합을 억제한다. 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 결합의 억제는 인간 ACE2 수용체에 결합하는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 상의 에피토프를 직접적으로 차단하는 항체에 의해 달성될 수 있다. 이러한 항체는 하기 추가로 기재된 바와 같이, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁할 수 있다. 대안적으로, 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 결합의 억제는, 예를 들어 항체가 인간 ACE2 수용체에 결합하는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 상의 에피토프 외부의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 에피토프에 결합하지만, 스파이크 단백질의 구조 또는 기능을 변형시켜 인간 ACE2 수용체에 대한 결합이 감소 또는 방지되도록 하거나 또는 ACE2 수용체 결합 후 세포를 감염시키는 과정이 억제되도록 하는 간접적 메카니즘에 의해 달성될 수 있다.

[1690] 인간 ACE2 (안지오텐신-전환 효소 2)는 진뱅크(GenBank)에 수탁 번호 AB193259.1로 기탁된 mRNA 서열에 의해 코딩가능하다. 이 수탁 번호로부터의 아미노산 서열을 갖는 ACE2가 본원의 검정에 사용될 수 있다. 본원의 실시예에서 사용된 발현 벡터 pCAGGS-ACE2는 이 코딩 서열을 포함하였다.

[1691] 스파이크 단백질을 절단하는 인간 TMPRSS2 (막횡단 세린 프로테아제 2)는 NCBI 참조 서열 NM_001135099.1로 기탁된 mRNA 서열에 의해 코딩가능하다. 이 수탁 번호로부터의 아미노산 서열을 갖는 TMPRSS2가 본원의 검정에 사용될 수 있다. 본원의 실시예에서 사용된 발현 벡터 pCAGGS-TMPRSS2는 이 코딩 서열을 포함하였다.

[1692] 억제 또는 중화 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 서브유닛 (S1 또는 S2) 중 어느 하나에 결합할 수 있다. 억제 또는 중화 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 임의의 도메인 (예를 들어 RTB 또는 NTD 또는 비-RBD/NTD 도메인)에 결합할 수 있다. 따라서, 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 억제 항체가 제공된다. 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 중화 항체가 제공된다. 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, SARS-CoV-2가 세포에 진입하는 것을 억제 또는 방지하는 항체가 제공된다. 다른 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 억제 항체가 제공된다. 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 중화 항체가 제공된다. 일부 예에서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체로서, SARS-CoV-2가 세포에 진입하는 것을 억제 또는 방지하는 항체가 제공된다.

[1693] 중화 - 측정:

[1694] SARS-CoV-2의 세포로의 진입을 중화시키는 항체의 능력은 시험관내 검정에 의해 결정될 수 있다. 널리 사용되는 검정은 슈도바이러스 중화 검정이며, 이는 바이러스 외피 내에 SARS-CoV-2 스파이크 단백질을 갖는 비-복제-적격 바이러스-유사 입자를 사용한다. 복제-결핍 바이러스를 사용하는 유사형화 바이러스 중화 검정은 병원성 인간 바이러스를 연구하는 경우에 야생형 바이러스의 사용을 위한 대체물로서 통상적으로 사용된다 (그렇지 않으면 보다 높은 봉쇄 수준에서 취급될 필요가 있을 것임). 항체의 중화 능력은 반딧불이 루시페라제 리포터를 보유하는 스파이크 SARS-CoV-2 외피보유 렌티바이러스 유사형을 사용하는 유사형 중화 검정에서 측정될 수 있다. 이러한 리포터의 사용은 넓은 동적 범위의 중화 역가 및 높은 수준의 감수성을 유발한다. 렌티바이러스 게놈이 세포 내로의 진입 후에 통합되는 경우에, 반딧불이 루시페라제 발현 및 활성은 유사형화 바이러스에 의해 감염된 (형질도입된) 세포의 수에 비례한다.

[1695] 본원에 기재되고 실시예 4에 상술된 유사형 중화 검정은 384-웰 포맷으로 수행되는 세포-기반 바이러스 중화 검정이다. SARS-CoV-2 유사형 중화를 위해, 10% FBS가 첨가된 DMEM 중에서 배양하고 유지시킨 렌티X 293T 세포 (ATCC, CRL-3216)를 사용한다. 제1일에 세포를 준비하고, 24시간 후에 세포를 일시적으로 형질감염시켜 ACE2 (SARS-CoV-2 바이러스 수용체) 및 TMPRSS2 (바이러스 진입에 요구되는 프로테아제)를 발현시킨다. 24시간 후에 ACE2/TMPRSS2로 일시적으로 형질감염된 표적 세포는 사용할 준비가 된다.

[1696] 항체의 연속 희석물을 384-웰 포맷으로 제조하고, 적절한 역가 (50 - 100 TCID50)의 렌티바이러스 입자와 함께 37℃에서 1시간 동안 인큐베이션한다. 항체의 출발 농도는 50 nM 내지 100 nM 범위이며, 이에 대해 3배 내지 5배 8-포인트 희석을 수행한다. 각각의 검정은 하기 대조군을 포함한다: 세포 단독, 세포 및 슈도바이러스, 양성 및 음성 대조군 항체.

[1697] 1시간 후에, ACE2/TMPRSS2로 일시적으로 형질감염된 표적 세포를 웰에 첨가하고, 플레이트를 37℃에서 48시간 동안 인큐베이션하여 비-중화된 입자의 세포 감염 (형질도입) 및 반딧불이 루시페라제의 발현을 허용하였다. 48시간 인큐베이션 후에, 세포를 루시페라제 기질 (예를 들어, 브라이트-글로 루시페라제 검정 시스템 (프로메가(Promega)))의 존재 하에 5분 동안 용해시켜 루시페라제 활성을 평가한다. 이러한 실온에서의 5분 인큐베이션 후에, 각각의 웰에서의 발광을 측정한다.

[1698] 비감염된 (비형질도입된) 세포에서, 단지 유사형만으로 감염된 (형질도입된) 세포에서 및 항체의 존재 하에 유사형으로 감염된 (형질도입된) 세포에서 검출된 루시페라제 신호 사이의 비교는 항체가 시험된 SARS-CoV-2 유사형에 대한 중화 활성을 갖는지 여부를 결정하는 것을 가능하게 한다.

[1699] 대안적으로, 야생형, 복제 적격, 진정한 SARS-CoV-2의 세포로의 진입을 중화시키는 항체의 능력은 생 바이러스 검정으로 공지된 시험관내 검정에 의해 결정될 수 있다. 생 바이러스 검정은 감염된 사람으로부터 유래된 바이러스의 분리주로부터 SARS-CoV-2 바이러스의 실험실 스톡을 생산하는 것을 수반한다. 상이한 사람으로부터의 각각의 분리주는 상이한 생 바이러스 스톡을 생성하며, 이는 통상 바이러스가 어느 유전자에서도 결함성이 아니라는 것을 보장하기 위해 및 어느 곳이든 바이러스 분리주가 야생형 바이러스 게놈 서열과 유전자적으로 상이한지 및 유전자 변화가 바이러스 단백질의 아미노산 서열을 변경시키는지를 결정하기 위해, 결정된 전체 바이러스 게놈 서열을 가질 것이다. 생 바이러스 분리주는 SARS-CoV-2 바이러스를 시험관내 인간 세포 또는 동물 세포 상에서 배양함으로써 (세포가 바이러스 복제에 대해 허용적이라면) 생산될 수 있다. 허용성을 부여하는 2종의 공지된 인자는 ACE-2 수용체 및 세포 표면 단백질 TMPRSS2이다. 일부 1차 인간 세포는 이들 단백질을 자연적으로 발현하고 (예컨대 1차 인간 기도 상피 세포 (PAE 세포)), 일부 암 세포주는 이들 단백질을 자연적으로 발현하고 (예컨대 Caco-2 및 Calu-3), 일부 인간 세포는 인공적으로 이들 단백질을 발현하도록 제조될 수 있고 (예컨대 ACE2 (SARS-CoV-2 바이러스 수용체) 및 TMPRSS2를 발현하도록 일시적으로 형질감염된 293T 세포), 일부 동물 세포는 SARS-CoV-2에 대해 자연적으로 허용적이다 (예컨대 아프리카 녹색 원숭이로부터의 Vero E6 세포). 따라서, 모든 생 바이러스 검정은 관련되지만, 종종 특이적 차이를 갖는다. 기지의 고정량의 생 바이러스를 상이한 항체 희석물과 함께 인큐베이션한 다음, 인큐베이션 후, 혼합물을 SARS-CoV-2 감염에 대해 허용적인 세포에 첨가함으로써 생 바이러스 중화 검정에서 항체의 중화 능력을 측정할 수 있다. 이어서, 세포를 인큐베이션하여 바이러스 감염 및 복제가 일어나도록 한다. 바이러스 감염 및 복제의 검출은 SAR-CoV-2 단백질, 예컨대 핵단백질 (N)에 대한 표지된 항체를 사용한 감염된 세포의 비색법 검출 및 정량화 또는 SAR-CoV-2 단백질, 예컨대 핵단백질 (N)에 대한 표지된 항체로 염색된 세포의 염색 및 계수에 의한 감염된 세포 병소의 가시화를 포함한 다수의 방법에 의해 결정될 수 있다. 항체에 의해 유발된 세포 감염의 감소량은 항체가 첨가되지 않은 대조군 감염에 비해 계산된다. 이들 검정은 24, 48 또는 96 웰 조직 배양 플레이트에서 수행될 수 있다.

[1700] 본 발명의 항체의 중화 능력은 슈도바이러스 중화 및/또는 생 바이러스 중화를 위한 방법에 따라 시험관내에서 결정될 수 있다. 둘 다의 경우에, 검정에서 검출가능한 감염의 50%를 억제하거나 (50%에 대한 억제 농도 또는 IC50) 또는 검정에서 검출가능한 감염의 90%를 억제하거나 (90%에 대한 억제 농도 또는 IC90) 또는 검정에서 검출가능한 감염의 95%를 억제하는 데 (95%에 대한 억제 농도 또는 IC95) 요구되는, 주어진 부피 (리터 또는 밀리리터 또는 마이크로리터)에서의 항체 중량 (밀리그램 또는 마이크로그램 또는 나노그램 또는 피코그램) 또는 항체의 몰농도 (밀리몰 또는 마이크로몰 또는 나노몰 또는 피코몰) 중 어느 하나 또는 둘 다로서 표현되는 항체의 농도가 보고된다. 이는 억제 곡선을 실험적으로 유도된 데이터에 수학적으로 피팅하고 이들을 IC50 또는 IC90 또는 IC95로서 보고하는 것을 포함한, 관련 기술분야에 공지된 임의의 다양한 방법을 사용하여 계산될 수 있다. 최종적으로, 세포의 SARS-CoV-2 감염을 완전히 억제하는 항체 농도가 결정될 수 있다. 이 값은 IC95 값과 유사할 것이고, 이는 표 E5-1의 데이터에 대해 결정되었다.

[1701] 슈도바이러스 중화 검정을 위한 예시적인 프로토콜이 본원의 실시예 4에 제공된다.

[1702] 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 10nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 1nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 500pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 100pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 40pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 30pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 20pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 10pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 검정에서 결정 시) 5pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1703] 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 10nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 1nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 500pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 100pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 40pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다. 일부 예에서, 항체는 (예를 들어 생 바이러스 검정에서 결정 시) 30pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1704] 일부 예에서, 항체는 참조 항체보다 더 큰 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 일부 예에서, 참조 항체는 SAD S35 (아크로 바이오시스템즈(Acro Biosystems); https://www.acrobiosystems.com/P3209-Anti-SARS-CoV-2-RBD-Neutralizing-Antibody-Human-IgG1.html)일 수 있다. 일부 예에서, 참조 항체는 4A8일 수 있다 (Chi et al., Science vol. 369 (6504), 650-655). 예를 들어, 항체는 참조 항체 대비 배수 변화로서 표현되는, 참조 항체보다 더 큰 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 한 예에서, 항체는 참조 항체 대비 2배 초과 변화의 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 한 예에서, 항체는 참조 항체 대비 25배 초과 변화의 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 한 예에서, 항체는 참조 항체 대비 50배 초과 변화의 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 한 예에서, 항체는 참조 항체 대비 100배 초과 변화의 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 한 예에서, 항체는 참조 항체 대비 500배 초과 변화의 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 한 예에서, 항체는 참조 항체 대비 1000배 초과 변화의 활성 수준으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다.

[1705] 제공된 항체는 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 결합을 억제할 수 있다. 일부 예에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하며, 여기서 항체는 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 결합을 억제한다. 다양한 억제 방식이 구상될 수 있다. 예를 들어, 억제는 ACE2에의 결합에 대한 경쟁에 의한 것일 수 있거나 (동일한 에피토프에 대해서든 또는 입체 장애에 의해서든), 또는 억제는 RBD가 그의 업 상태에 있게 되는 것을 방지하여 RBD와의 ACE2 상호작용을 억제하도록 유도하는 것을 통한 것일 수 있다.

[1706] 일부 예에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하며, 여기서 항체는 세포로

의 진입을 촉발하는 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 결합의 기능을 억제한다. 다시, 다양한 억제 방식이 구상될 수 있다. 예를 들어, 항-S2 항체는 숙주 세포 막과의 융합을 억제할 수 있거나 또는 이는 TMPRSS2 또는 카텝신 또는 스파이크 단백질을 변형시킬 수 있는 다른 세포 프로테아제에 의한 S1 및 S2의 절단을 억제할 수 있다.

[1707] ACE2와의 경쟁:

[1708] 제공된 항체는 인간 ACE2 수용체에의 결합에 대해 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 경쟁할 수 있다. 제공된 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합할 수 있으며, 여기서 항체는 인간 ACE2 수용체에의 결합에 대해 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 경쟁함으로써 세포 감염을 방지하는 중화 항체이다. 인간 ACE2 수용체에의 결합에 대해 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 경쟁하지 않는 다른 항체는 정확하게 기능하는 스파이크 단백질의 능력을 변경시킬 수 있고, 이에 의해 심지어 항체가 RBD와 ACE2 상호작용을 차단하지 않더라도 또한 중화 항체일 수 있다.

[1709] 항체가 인간 ACE2 수용체에의 결합에 대해 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 경쟁하는지 여부는 경쟁 검정을 사용하여 측정될 수 있다. 경쟁은 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 결정될 수 있으며, 이러한 기술은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 자명하다. SPR은 비아코어™, 프로테온™ 또는 또 다른 표준 SPR 기술을 사용하여 수행될 수 있다. 이러한 경쟁은, 예를 들어 ACE2 수용체가 결합하는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 동일하거나 중첩되는 에피토프에 대한 항체 또는 단편 결합에 기인할 수 있다. 한 예에서, 경쟁은 ELISA에 의해 결정되며, 이러한 기술은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 자명하다. 한 예에서, 경쟁은 균질 시간 분해 형광 (HTRF)에 의해 결정되며, 이러한 기술은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 자명하다. 한 예에서, 경쟁은 형광 활성화 세포 분류 (FACS)에 의해 결정되며, 이러한 기술은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 자명하다. 한 예에서, 경쟁은 포르테바이오 옥테트® 생물층 간섭측정법 (BLI)에 의해 결정되며, 이러한 기술은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 자명하다.

[1710] 한 예에서, 항체는 세포 표면-발현된 인간 ACE2 수용체에의 결합에 대해 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 (또는 그의 융합 단백질)과 (예를 들어, 용량-의존성 방식으로) 경쟁한다. 한 실시양태에서, 항체는 가용성 인간 ACE2 수용체에의 결합에 대해 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 (또는 그의 융합 단백질)과 (예를 들어, 용량-의존성 방식으로) 경쟁한다.

[1711] 한 예에서, 항체는 세포 표면-발현된 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 결합을 부분적으로 또는 완전히 억제한다. 또 다른 예에서, 항체는 가용성 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2의 결합을 부분적으로 또는 완전히 억제한다.

[1712] 길항제 항체가 결합하는 에피토프가 ACE2 수용체의 결합 부위를 완전히 차단하는 경우에, 이때 수용체 결합은 완전히 방지된다 (이는 물리적 차단 (중첩 에피토프의 경우) 또는 입체적 차단 (길항제가 그의 별개의 에피토프에 대한 수용체 결합을 방지하도록 큰 경우)일 수 있음). 항체가 결합하는 에피토프가 ACE2 수용체의 결합 부위를 부분적으로 차단하는 경우에, 수용체는 단지 약하게 (부분적 억제의 경우) 또는 자연 결합 상호작용과 상이한 배향으로 결합할 수 있다.

[1713] 다른 방식 - 탈안정화:

[1714] 일부 예에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질을 탈안정화시킬 수 있다. 따라서, 이러한 항체는 항체가 단독으로 또는 추가의 항-SARS-CoV-2 항체와 조합되어 사용되는 경우에, 스파이크 단백질을 탈안정화시킨 결과 인간 ACE2 수용체에 대한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 결합을 파괴함으로써 유익한 치료 효과를 유발할 수 있다.

[1715] 다른 방식 - 증가된 결합:

[1716] 일부 예에서, 항체는 생화학 검정에서 SARS-CoV-2 스파이크 단백질과 인간 ACE2 수용체 사이의 결합의 분명한 증가 하에 업 위치의 RBD의 수를 증가시킬 수 있지만, 그러나 바이러스 입자에서 적절한 스파이크 단백질 기능을 전체적으로 억제하여 바이러스의 중화를 유도할 수 있다. 이러한 항체는 또 다른 RBD 결합 및 ACE-2 차단 항-SARS-CoV-2 항체와 조합되어 사용되는 경우에 치료상 특히 유용할 수 있다. 예를 들어, 이들은 SARS-CoV-2 스파이크 단백질 삼량체 내의 상호작용을 탈안정화시킬 수 있거나 또는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD를 보다 종종 상향 배위로 강제할 수 있어 이를 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하는 중화 항체에 보다 감수성이도록 만들 수 있다. 이 작용 방식을 지지하는 데이터가 실시예 3에 제시된다.

[1717] 이러한 항체는 또한 특히 이중 항원 결합 검정에 사용되는 경우에 진단 항체로서 특히 유용할 수 있으며, 여기서 항체는 스파이크 단백질을 포획하는 데 사용된다.

[1718] 본원에 기재된 예시적인 항체가 표 1a 및 1b에 제시되고, 하기에 추가로 기재된다.

[1719] 군 A 'ACE2-경쟁' RBD 결합제:

[1720] 일부 측면에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하며, 여기서 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁한다.

[1721] SARS-CoV-2를 중화시키고, SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하며, SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하는 항체가 본원에 제공된다. 한 예에서, 항체는, 특히 표면 플라즈몬 공명 (SPR) 검정 (예를 들어 비아코어 SPR 검정)을 사용하여 측정했을 때, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 대한 높은 친화도 (예컨대 10^{-9} M 이하의 KD 또는 심지어 $5x10^{-10}$ M 이하의 KD)를 갖는다. 한 예에서, 항체는 특히 슈도바이러스 검정에서 시험관내에서 높은 효력으로 (예컨대 1nM 이하의 IC50, 100pM 이하의 IC50, 50pM 이하의 IC50, 10pM 이하의 IC50 또는 심지어 5pM 이하의 IC50으로) SARS-CoV-2를 중화시킨다. 한 예에서, 항체는 특히 생 바이러스 검정에서 시험관내에서 높은 효력으로 (예컨대 1nM 이하의 IC50, 100pM 이하의 IC50, 50pM 이하의 IC50, 30pM의 IC50으로) SARS-CoV-2를 중화시킨다. 한 예에서, 항체는 (i) SARS-CoV-2의 RBD에 대한 높은 친화도 (예컨대 10^{-9} M 이하의 KD 또는 심지어 $5x10^{-10}$ M 이하의 KD)를 갖고, (ii) 높은 효력으로 (예컨대 1nM 이하의 IC50, 100pM 이하의 IC50, 50pM 이하의 IC50, 10pM 이하의 IC50 또는 심지어 5pM 이하의 IC50으로) SARS-CoV-2를 중화시킨다.

[1722] 한 예에서, 항체는 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-060, IMPI-006, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-037, IMPI-017 및 IMPI-059로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1723] 한 예에서, 항체는 IMPI-029, IMPI-056 및 IMPI-005 (도 3에서의 클러스터 5)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-012, IMPI-052 및 IMPI-002 (도 3에서의 클러스터 6)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-041, IMPI-036 및 IMPI-055 (도 3에서의 클러스터 7)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-054 및 IMPI-042 (도 3에서의 클러스터 9)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-021 및 IMPI-060 (도 3에서의 클러스터 10)으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1724] 한 예에서, 항체는 IMPI-029, IMPI-056 또는 IMPI-005이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-012, IMPI-052 또는 IMPI-002이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-041, IMPI-036 또는 IMPI-055이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-054 또는 IMPI-042이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-021 또는 IMPI-060이다.

[1725] 한 예에서, 항체는 YANG-1101, YANG-1103, YANG-1105, YANG-1106, YANG-1107, YANG-1108, YANG-1109, YANG-1110, YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c, YANG-1113, YANG-1114, YANG-1115, YANG-1116, YANG-1117, YANG-1118, YANG-1119, YANG-2101, YANG-2102, YANG-2103, YANG-2104, YANG-2105, YANG-2106, YANG-2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l, YANG-2109, YANG-2110 또는 YANG-2111로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1726] 한 예에서, 항체는 YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 또는 YANG-2111로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1727] 한 예에서, 항체는, 예를 들어 도 25 및 26에 제시된 바와 같은 YANG-1112 항체 클러스터 내의 항체이다: YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c.

[1728] 한 예에서, 항체는, 예를 들어 도 17 및 18에 제시된 바와 같은 YANG 2107 및 2108 항체 클러스터 내의 항체이다: YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l.

[1729] 한 예에서, 항체는, 예를 들어 도 19 및 20에 제시된 바와 같은 YANG-2111 항체 클러스터 내의 항체이다: YANG-2111a, YANG-2111b.

[1730] 군 B '삼량체' 결합제:

[1731] 일부 측면에서, 항체는 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 특이적으로 결합한다.

[1732] 이러한 항체는 각각의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD, 단리된 S1 서브유닛 및 단리된 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합한다. 이러한 항체는, 특히 HTRF 결합 검정 (예를 들어 실시예 2에 제시된 바와 같음)에서, 각각의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD, 단리된 S1 서브유닛 및 단리된 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 대해 적어도 50배, 적어도 100배, 적어도 150배 또는 적어도 200배 더 높은 친화도를 나타낼 수 있다. 이러한 항체는, 특히 SPR 결합 검정 (예를 들어, 본원에 정의된 바와 같음)에서, 각각의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD, 단리된 S1 서브유닛 및 단리된 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 대해 적어도 50배, 적어도 100배, 적어도 150배 또는 적어도 200배 더 높은 친화도를 나타낼 수 있다. 이러한 항체는 SARS-CoV-2에 대한 ACE2 결합의 기능을 방지할 수 있다. 이러한 항체는 일반적으로 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않는다. 이러한 항체는 SARS-CoV-2의 단리된 RBD에 결합하지 않을 수 있다. 이러한 항체는 SARS-CoV-2의 단리된 RBD, 단리된 S1 서브유닛 또는 단리된 S2 서브유닛에 결합하지 않을 수 있다.

[1733] 바람직하게는, 항체는 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 및 IMPI-072로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001 및 IMPI-019 (도 3에서의 클러스터 2)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022 및 IMPI-035 (도 3에서의 클러스터 4)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-067 및 IMPI-072 (도 3에서의 클러스터 12)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001 또는 IMPI-019이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022 또는 IMPI-035이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-067 또는 IMPI-072이다.

[1734] 군 C 'S2' 결합제:

[1735] 일부 측면에서, 항체는 SARS-CoV 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합한다.

[1736] SARS-CoV-2를 중화시키고 SARS-CoV-2의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체가 본원에 제공된다. 이러한 항체는 일반적으로 SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않는다. 이러한 항체는 S2 서브유닛에 대한 높은 친화도, 예를 들어 10^{-9} M 이하의 KD를 나타낼 수 있다. 이러한 항체는 본원에 기재된 바와 같은 의약으로서, 예컨대 조합 요법에서, 특히 예를 들어 이들이 또한 ADCC 활성을 나타내는 경우에 가치있을 수 있다.

[1737] 한 예에서, 항체는 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 및 IMPI-071로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-003 및 IMPI-013 (도 3에서의 클러스터 8)으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 보다 바람직하게는, 항체는 IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 및 IMPI-071 (실시예 3에서의 클러스터 11)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-003 또는 IMPI-013이다. 보다 바람직하게는, 항체는 IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071이다.

[1738] 한 예에서, 항체는 YANG-1201, YANG-1202, YANG-1203, YANG-1204, YANG-1205, YANG-1206, YANG-1207, YANG-2201, YANG-2202, YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1739] 한 예에서, 항체는 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1740] 한 예에서, 항체는, 예를 들어 도 21 및 22에 제시된 바와 같은 YANG-2203 항체 클러스터 내의 항체이다: YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k.

[1741] 한 예에서, 항체는, 예를 들어 도 23 및 24에 제시된 바와 같은 YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208 항체 클러스터 내의 항체이다: YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238, YANG-2239, YANG-2240, YANG-

2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-2299l

[1742] 군 D '비-경쟁' RBD 결합제:

[1743] 일부 측면에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하며, 여기서 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는다.

[1744] SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않는 항체가 본원에 제공된다. 이러한 항체는 SAD S35 항체에 비해 중화 활성의 0-2배 변화를 나타낼 수 있다. 이러한 항체는 임의로 중화 활성을 나타낼 수 있다. 예를 들어, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 55nM 이하의 IC50, 35nM 이하의 IC50, 15nM 이하의 IC50, 10nM 이하의 IC50 또는 3nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있다. 다른 예에서, 항체는 (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 2nM 이상의 IC50, 5nM 이상의 IC50, 10nM 이상의 IC50, 30nM 이상의 IC50 또는 심지어 50nM 이상의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시킬 수 있고, 치료 항체로서 여전히 관심 대상이다. 이러한 항체는 RBD에 대한 높은 친화도, 예를 들어 10^{-9} M 이하의 KD를 나타낼 수 있다. 이러한 항체는 RBD와 ACE2 수용체 사이의 증가된 결합을 유발할 수 있다. 이러한 항체는 또한 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질을 탈안정화시킬 수 있고/거나 SARS-CoV와 교차-반응할 수 있다.

[1745] 한 예에서, 항체는 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 및 IMPI-068로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058 및 IMPI-043 (도 3에서의 클러스터 1)으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033 및 IMPI-014 (도 3에서의 클러스터 3)로 이루어진 군으로부터 선택된다. 한 예에서, 항체는 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058 또는 IMPI-043이다. 또 다른 예에서, 항체는 IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033 또는 IMPI-014이다.

[1746] 한 예에서, 항체는 YANG-1111, YANG-1102, YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e, YANG-1402, YANG-1403 또는 YANG-2112로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1747] 한 예에서, 항체는, 예를 들어 도 15 및 16에 제시된 바와 같은 YANG-1401 항체 클러스터 내의 항체이다: YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e.

[1748] 군 E 'NTD' 결합제:

[1749] 일부 측면에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 NTD에 특이적으로 결합한다.

[1750] 한 예에서, 항체는 YANG-1301, YANG-1302, YANG-1303, YANG-1304, YANG-1305; YANG-2301, YANG-2302, YANG-2303, YANG-2304, YANG-2305 또는 YANG-2306으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1751] 군 A-D:

[1752] 한 예에서, 항체는 IMPI-001이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-002이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-003이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-004이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-005이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-006이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-007이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-008이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-009이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-010이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-011이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-012이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-013이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-014이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-015이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-016이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-017이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-018이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-019이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-020이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-021이다. 한 예에서, 항체는

IMPI-022이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-023이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-024이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-025이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-026이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-027이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-028이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-029이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-030이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-031이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-032이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-033이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-034이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-035이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-036이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-037이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-038이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-039이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-040이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-041이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-042이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-043이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-044이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-045이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-046이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-047이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-048이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-049이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-050이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-051이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-052이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-053이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-054이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-055이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-056이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-057이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-058이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-059이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-060이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-061이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-062이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-063이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-064이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-065이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-066이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-067이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-068이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-069이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-070이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-071이다. 한 예에서, 항체는 IMPI-072이다.

[1753] 한 예에서, 항체는 YANG-1101이다.

[1754] 한 예에서, 항체는 YANG-1103이다.

[1755] 한 예에서, 항체는 YANG-1105이다.

[1756] 한 예에서, 항체는 YANG-1106이다.

[1757] 한 예에서, 항체는 YANG-1107이다.

[1758] 한 예에서, 항체는 YANG-1108이다.

[1759] 한 예에서, 항체는 YANG-1109이다.

[1760] 한 예에서, 항체는 YANG-1110이다.

[1761] 한 예에서, 항체는 YANG-1112이다.

[1762] 한 예에서, 항체는 YANG-1113이다.

[1763] 한 예에서, 항체는 YANG-1114이다.

[1764] 한 예에서, 항체는 YANG-1115이다.

[1765] 한 예에서, 항체는 YANG-1116이다.

[1766] 한 예에서, 항체는 YANG-1117이다.

[1767] 한 예에서, 항체는 YANG-1118이다.

[1768] 한 예에서, 항체는 YANG-1119이다.

[1769] 한 예에서, 항체는 YANG-2101이다.

[1770] 한 예에서, 항체는 YANG-2102이다.

[1771] 한 예에서, 항체는 YANG-2103이다.

[1772] 한 예에서, 항체는 YANG-2104이다.

[1773] 한 예에서, 항체는 YANG-2105이다.

[1774] 한 예에서, 항체는 YANG-2106이다.

[1775] 한 예에서, 항체는 YANG-2107이다.

[1776] 한 예에서, 항체는 YANG-2108이다.

[1777] 한 예에서, 항체는 YANG-2109이다.

[1778] 한 예에서, 항체는 YANG-2110이다.

[1779] 한 예에서, 항체는 YANG-2111이다.

[1780] 한 예에서, 항체는 YANG-1201이다.

[1781] 한 예에서, 항체는 YANG-1202이다.

[1782] 한 예에서, 항체는 YANG-1203이다.

[1783] 한 예에서, 항체는 YANG-1204이다.

[1784] 한 예에서, 항체는 YANG-1205이다.

[1785] 한 예에서, 항체는 YANG-1206이다.

[1786] 한 예에서, 항체는 YANG-1207이다.

[1787] 한 예에서, 항체는 YANG-2201이다.

[1788] 한 예에서, 항체는 YANG-2202이다.

[1789] 한 예에서, 항체는 YANG-2203이다.

[1790] 한 예에서, 항체는 YANG-2204이다.

[1791] 한 예에서, 항체는 YANG-2205이다.

[1792] 한 예에서, 항체는 YANG-2206이다.

[1793] 한 예에서, 항체는 YANG-2207이다.

[1794] 한 예에서, 항체는 YANG-2208이다.

[1795] 한 예에서, 항체는 YANG-1102이다.

[1796] 한 예에서, 항체는 YANG-1111이다.

[1797] 한 예에서, 항체는 YANG-1401이다.

[1798] 한 예에서, 항체는 YANG-1402이다.

[1799] 한 예에서, 항체는 YANG-1403이다.

[1800] 한 예에서, 항체는 YANG-2112이다.

[1801] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-1301이다.

[1802] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-1302이다.

[1803] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-1303이다.

[1804] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-1304이다.

[1805] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-1305이다.

[1806] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-2301이다.

[1807] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-2302이다.

[1808] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-2303이다.

[1809] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-2304이다.

[1810] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-2305이다.

[1811] 한 실시양태에서, 항체는 YANG-2306이다.

[1812] 항체 IMPI-052는 서열식별번호: 3 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 4 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 5 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 2의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1이다. 항체 IMPI-052는 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 9 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 10 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 7의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 6이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1813] 항체 IMPI-047은 서열식별번호: 13 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 15 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 12의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 11이다. 항체 IMPI-047은 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 19 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 17의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 16이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1814] 항체 IMPI-003은 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 23 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 24 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 21의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 20이다. 항체 IMPI-003은 서열식별번호: 27 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 29 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 26의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 25이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1815] 항체 IMPI-043은 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 31의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 30이다. 항체 IMPI-043은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 38 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 36의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 35이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1816] 항체 IMPI-048은 서열식별번호: 41 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 42 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 43 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 40의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 39이다. 항체 IMPI-048은 서열식별번호: 46 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 47 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 45의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 44이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1817] 항체 IMPI-014는 서열식별번호: 41 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 42 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 43 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 49의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 48이다. 항체 IMPI-014는 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 47

(IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 51의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 50이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1818] 항체 IMPI-059는 서열식별번호: 54 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 55 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 56 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 53의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 52이다. 항체 IMPI-059는 서열식별번호: 59 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 60 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 58의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 57이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1819] 항체 IMPI-057은 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 63 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 64 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 62의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 61이다. 항체 IMPI-057은 서열식별번호: 67 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 68 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 69 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 66의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 65이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1820] 항체 IMPI-015는 서열식별번호: 72 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 71의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 70이다. 항체 IMPI-015는 서열식별번호: 75 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 76 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 74의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 73이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1821] 항체 IMPI-025는 서열식별번호: 79 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 80 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 81 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 78의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 77이다. 항체 IMPI-025는 서열식별번호: 84 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 83의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 82이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1822] 항체 IMPI-051은 서열식별번호: 89 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 88의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 87이다. 항체 IMPI-051은 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 93 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 91의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 90이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수

있다.

[1823] 항체 IMPI-031은 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 23 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 96 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 95의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 94이다. 항체 IMPI-031은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 69 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 98의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 97이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1824] 항체 IMPI-045는 서열식별번호: 101 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 42 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 43 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 100의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 99이다. 항체 IMPI-045는 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 47 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 103의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 102이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1825] 항체 IMPI-005는 서열식별번호: 13 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 106 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 105의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 104이다. 항체 IMPI-005는 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 109 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 108의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 107이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1826] 항체 IMPI-038은 서열식별번호: 112 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 113 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 114 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 111의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 110이다. 항체 IMPI-038은 서열식별번호: 117 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 118 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 116의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 115이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1827] 항체 IMPI-036은 서열식별번호: 121 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 122 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 123 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 120의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 119이다. 항체 IMPI-036은 서열식별번호: 126 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 127 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 128 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 125의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 124이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1828] 항체 IMPI-023은 서열식별번호: 131 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 132 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 133 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 130의 중쇄 가변 영역

(VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 129이다. 항체 IMPI-023은 서열식별번호: 136 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 135의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 134이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1829] 항체 IMPI-019는 서열식별번호: 139 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 140 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 141 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 138의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 137이다. 항체 IMPI-019는 서열식별번호: 144 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 143의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 142이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1830] 항체 IMPI-008은 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 23 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 147 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 146의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 145이다. 항체 IMPI-008은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 69 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 149의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 148이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1831] 항체 IMPI-004는 서열식별번호: 112 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 152 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 153 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 151의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 150이다. 항체 IMPI-004는 서열식별번호: 156 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 158 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 155의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 154이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1832] 항체 IMPI-012는 서열식별번호: 161 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 4 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 5 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 160의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 159이다. 항체 IMPI-012는 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 164 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 163의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 162이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1833] 항체 IMPI-010은 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 23 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 167 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 166의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 165이다. 항체 IMPI-010은 서열식별번호: 67 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 69 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 169의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 168이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의

중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1834] 항체 IMPI-017은 서열식별번호: 172 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 173 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 171의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 170이다. 항체 IMPI-017은 서열식별번호: 176 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 177 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 175의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 174이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1835] 항체 IMPI-037은 서열식별번호: 180 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 181 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 182 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 179의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 178이다. 항체 IMPI-037은 서열식별번호: 185 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 186 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 184의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 183이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. 항체 IMPI-037의 서열이 본 발명에서 특히 관심 대상이다.

[1836] 항체 IMPI-022는 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 63 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 147 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 188의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 187이다. 항체 IMPI-022는 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 69 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 190의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 189이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1837] 항체 IMPI-058은 서열식별번호: 193 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 194 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 192의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 191이다. 항체 IMPI-058은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 197 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 196의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 195이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1838] 항체 IMPI-024는 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 200 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 199의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 198이다. 항체 IMPI-024는 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 204 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 202의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 201이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1839] 항체 IMPI-039는 서열식별번호: 79 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 80 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 207 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 206의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 205이다. 항체 IMPI-039는 서열식별번호: 84 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 209의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 208이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1840] 항체 IMPI-020은 서열식별번호: 212 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 140 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 133 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 211의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 210이다. 항체 IMPI-020은 서열식별번호: 84 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 214의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 213이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1841] 항체 IMPI-053은 서열식별번호: 79 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 140 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 207 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 216의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 215이다. 항체 IMPI-053은 서열식별번호: 219 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 218의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 217이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1842] 항체 IMPI-021은 서열식별번호: 3 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 222 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 221의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 220이다. 항체 IMPI-021은 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 225 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 224의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 223이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1843] 항체 IMPI-032는 서열식별번호: 228 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 132 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 133 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 227의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 226이다. 항체 IMPI-032는 서열식별번호: 136 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 230의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 229이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1844] 항체 IMPI-001은 서열식별번호: 228 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 132 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 133 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 227의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 226이다. 항체 IMPI-001은 서열식별번호: 144 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번

호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 232의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 231이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1845] 항체 IMPI-041은 서열식별번호: 121 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 235 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 236 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 234의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 233이다. 항체 IMPI-041은 서열식별번호: 126 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 239 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 128 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 238의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 237이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1846] 항체 IMPI-029는 서열식별번호: 3 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 106 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 241의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 240이다. 항체 IMPI-029는 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 109 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 108의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 107이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1847] 항체 IMPI-009는 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 243의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 242이다. 항체 X는 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 246 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 245의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 244이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1848] 항체 IMPI-006은 서열식별번호: 249 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 250 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 251 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 248의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 247이다. 항체 IMPI-006은 서열식별번호: 254 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 255 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 253의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 252이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1849] 항체 IMPI-054는 서열식별번호: 172 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 258 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 257의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 256이다. 항체 IMPI-054는 서열식별번호: 261 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 262 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 263 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 260의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 259이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과

조합될 수 있다.

[1850] 항체 IMPI-044는 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 265의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 264이다. 항체 IMPI-044는 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 204 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 267의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 266이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1851] 항체 IMPI-002는 서열식별번호: 3 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 5 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 26의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 268이다. 항체 IMPI-002는 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 10 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 271의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 270이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1852] 항체 IMPI-027은 서열식별번호: 41 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 42 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 43 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 273의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 272이다. 항체 IMPI-027은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 47 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 275의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 274이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1853] 항체 IMPI-011은 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 265의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 264이다. 항체 IMPI-011은 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 76 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 277의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 276이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1854] 항체 IMPI-033은 서열식별번호: 41 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 42 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 43 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 279의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 278이다. 항체 IMPI-033은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 282 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 281의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 280이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1855] 항체 IMPI-055는 서열식별번호: 121 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 235 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 285 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 284의 중쇄 가변 영역

(VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 283이다. 항체 IMPI-055는 서열식별번호: 126 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 288 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 128 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 287의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 286이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1856] 항체 IMPI-049는 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 200 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 199의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 198이다. 항체 IMPI-049는 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 204 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 267의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 289이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1857] 항체 IMPI-042는 서열식별번호: 172 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 258 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 257의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 290이다. 항체 IMPI-042는 서열식별번호: 261 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 262 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 263 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 292의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 291이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1858] 항체 IMPI-035는 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 23 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 147 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 294의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 293이다. 항체 IMPI-035는 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 69 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 296의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 295이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1859] 항체 IMPI-028은 서열식별번호: 13 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 299 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 298의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 297이다. 항체 IMPI-028은 서열식별번호: 302 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 303 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 301의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 300이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1860] 항체 IMPI-018은 서열식별번호: 306 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 42 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 307 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 305의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 304이다. 항체 IMPI-018은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 47 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 309의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 308이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의

중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1861] 항체 IMPI-050은 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 265의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 264이다. 항체 IMPI-050은 서열식별번호: 312 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 93 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 31의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 310이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1862] 항체 IMPI-016은 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 265의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 264이다. 항체 IMPI-016은 서열식별번호: 92 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 76 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 314의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 313이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1863] 항체 IMPI-040은 서열식별번호: 131 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 140 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 317 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 316의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 315이다. 항체 IMPI-040은 서열식별번호: 144 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 319의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 318이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1864] 항체 IMPI-030은 서열식별번호: 79 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 80 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 81 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 78의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 77이다. 항체 IMPI-030은 서열식별번호: 84 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 321의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 320이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1865] 항체 IMPI-034는 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 265의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 264이다. 항체 IMPI-034는 서열식별번호: 324 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 93 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 323의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 322이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1866] 항체 IMPI-013은 서열식별번호: 22 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 23 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 327 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 326의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 325이다. 항체 IMPI-013은 서열식별번호: 27 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 29 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 329의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 328이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1867] 항체 IMPI-026은 서열식별번호: 32 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 331의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 330이다. 항체 IMPI-026은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 76 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 333의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 332이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1868] 항체 IMPI-007은 서열식별번호: 336 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 140 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 337 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 335의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 334이다. 항체 IMPI-007은 서열식별번호: 84 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 85 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 86 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 339의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 338이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1869] 항체 IMPI-046은 서열식별번호: 342 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 33 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 34 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 341의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 340이다. 항체 IMPI-046은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 38 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 344의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 343이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1870] 항체 IMPI-060은 서열식별번호: 3 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 222 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 221의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 220이다. 항체 IMPI-060은 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 347 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 346의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 345이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1871] 항체 IMPI-056은 서열식별번호: 172 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 14 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 106 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 349의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 348이다. 항체 IMPI-056은 서열식별번호: 8 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호:

10 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 351의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 350이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1872] 항체 IMPI-061은 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 353의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 352이다. 항체 IMPI-061은 서열식별번호: 359 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 360 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 358의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 357이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1873] 항체 IMPI-062는 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 353의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 361이다. 항체 IMPI-062는 서열식별번호: 364 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 360 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 363의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 362이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1874] 항체 IMPI-063은 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 366의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 365이다. 항체 IMPI-063은 서열식별번호: 369 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 360 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 368의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 367이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1875] 항체 IMPI-064는 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 353의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 370이다. 항체 IMPI-064는 서열식별번호: 364 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 373 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 372의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 371이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1876] 항체 IMPI-065는 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 353의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 352이다. 항체 IMPI-065는 서열식별번호: 364 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 376 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 375의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 374이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과

조합될 수 있다.

[1877] 항체 IMPI-066은 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 379 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 378의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 377이다. 항체 IMPI-066은 서열식별번호: 382 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 383 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 381의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 380이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1878] 항체 IMPI-067은 서열식별번호: 386 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 387 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 388 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 385의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 384이다. 항체 IMPI-067은 서열식별번호: 391 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 392 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 390의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 389이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1879] 항체 IMPI-068은 서열식별번호: 395 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 113 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 396 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 394의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 393이다. 항체 IMPI-068은 서열식별번호: 37 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 28 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 399 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 398의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 397이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1880] 항체 IMPI-069는 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 401의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 400이다. 항체 IMPI-069는 서열식별번호: 404 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 360 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 403의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 402이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1881] 항체 IMPI-070은 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 353의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 370이다. 항체 IMPI-070은 서열식별번호: 407 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 408 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 406의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 405이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1882] 항체 IMPI-071은 서열식별번호: 354 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 355 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 356 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 353의 중쇄 가변 영역

(VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 370이다. 항체 IMPI-071은 서열식별번호: 364 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 360 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 410의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 409이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1883] 항체 IMPI-072는 서열식별번호: 413 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 387 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 388 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 412의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 411이다. 항체 IMPI-072는 서열식별번호: 391 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 157 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 416 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 415의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 414이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1884] 본원에 제공된 YANG 항체 (특히 RBD-결합제 YANG-1401, YANG-1112, YANG-2107, YANG-2108 및 YANG-2111; 및 S2-결합제 YANG-2203, YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207 및 YANG-2208)의 서열이 본 발명에서 특히 관심 대상이다.

[1885] 항체 YANG-1401은 서열식별번호: 778 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 779 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 780 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 777의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 776이다. 항체 YANG-1401은 서열식별번호: 783 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 18 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 784 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 782의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 781이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1886] 항체 YANG-1112는 서열식별번호: 572 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 573 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 574 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 571의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 570이다. 항체 YANG-1112는 서열식별번호: 577 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 578 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 579 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 576의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 575이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1887] 항체 YANG-2107은 서열식별번호: 899 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 900 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 901 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 898의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 897이다. 항체 YANG-2107은 서열식별번호: 904 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 905 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 903의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 902이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1888] 항체 YANG-2108은 서열식별번호: 908 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 909 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 910 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 907의 중쇄 가변 영

역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 906이다. 항체 YANG-2108은 서열식별번호: 913 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 203 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 914 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 912의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 911이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1889] 항체 YANG-2111은 서열식별번호: 1046 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1047 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1048 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1045의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1044이다. 항체 YANG-2111은 서열식별번호: 1051 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1052 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1053 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1050의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1049이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1890] 항체 YANG-2203은 서열식별번호: 1106 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1107 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1108 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1105의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1104이다. 항체 YANG-2203은 서열식별번호: 1111 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1112 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1113 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1110의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1109이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1891] 항체 YANG-2204는 서열식별번호: 1226 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1227 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1228 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1225의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1224이다. 항체 YANG-2204는 서열식별번호: 1231 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1232 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1233 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1230의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1229이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1892] 항체 YANG-2205는 서열식별번호: 1236 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1237 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1238 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1235의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1234이다. 항체 YANG-2205는 서열식별번호: 1241 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1242 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1243 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1240의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1239이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1893] 항체 YANG-2206은 서열식별번호: 1246 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1247 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1248 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1245의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1244이다. 항체 YANG-2206은 서열식별번호: 1251 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1252 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1253 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1250의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1249이다. VH 도메인은 본원에 기재된

임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1894] 항체 YANG-2207은 서열식별번호: 1256 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1257 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1258 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1255의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1254이다. 항체 YANG-2207은 서열식별번호: 1261 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1262 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1263 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1260의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1259이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1895] 항체 YANG-2208은 서열식별번호: 1266 (IMGT)의 CDRH1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1267 (IMGT)의 CDRH2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1268 (IMGT)의 CDRH3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1265의 중쇄 가변 영역 (VH) 아미노산 서열을 갖는다. VH 도메인의 중쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1264이다. 항체 YANG-2208은 서열식별번호: 1271 (IMGT)의 CDRL1 아미노산 서열, 서열식별번호: 1272 (IMGT)의 CDRL2 아미노산 서열 및 서열식별번호: 1273 (IMGT)의 CDRL3 아미노산 서열을 포함하는, 서열식별번호: 1270의 경쇄 가변 영역 (VL) 아미노산 서열을 갖는다. VL 도메인의 경쇄 핵산 서열은 서열식별번호: 1269이다. VH 도메인은 본원에 기재된 임의의 중쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다. VL 도메인은 본원에 기재된 임의의 경쇄 불변 영역 서열 (이의 뉴클레오티드 및 상응하는 아미노산 서열은 표 2에 제시됨)과 조합될 수 있다.

[1896] CDR, VL/VH:

[1897] 일부 예에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1898] 여기서 HCDR3은 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 HCDR3이다.

[1899] 일부 예에서, 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[1900] 여기서 CDR은 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 것이다.

[1901] 일부 예에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1902] 일부 예에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% (바람직하게는 95%, 보다 바람직하게는 98%) 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 상기 항체의 CDR을 갖는다.

[1903] 본 발명의 기저를 이루는 연구에서, 항체 서열을 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이 면역화된 마우스로부터의 항원-결합 B 세포 또는 형질 세포로부터 회수하고, 생물정보학 분석을 사용하여 도 3 및 도 15 내지 26에 제시된 클러스터로 군분류하였다. 동일한 클러스터 내의 항체 (도 3 및 도 15 내지 26)는 어느 정도의 서열 동일성 및/또는 보존된 서열을 공유하는 것으로 이해될 것이다. 따라서, 동일한 클러스터 내의 항체는 '형제 항체'로 간주될 수 있다. 형제 항체는 본 발명의 범주 내에 있다. 한 실시양태에서, 본 발명은 본원에 개시된 임의의 항체와 함께 그의 형제 항체로 이루어진 확장된 항체 군을 제공한다. 한 실시양태에서, 본 발명은 본원에 개시된 임의의 군의 항체와 함께 그의 형제 항체로 이루어진 확장된 항체 군을 제공한다. 본 발명은 또한 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% (바람직하게는 95%, 보다 바람직하게는 98%) 동일성을 갖는 항체를 제공하며, 단 VH 및

VL 도메인 서열 내의 임의의 치환은 본원에 개시된 동일한 클러스터 내의 형제 항체에 존재하는 아미노산 잔기에 대한 것이다. 본 발명은 또한 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체로서, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 치환 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 치환을 갖는, 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하며, 단 VH 및 VL 도메인 서열 내의 임의의 치환은 본원에 개시된 동일한 클러스터 내의 형제 항체에 존재하는 아미노산 잔기에 대한 것인 항체를 제공한다.

[1904] 1개 이상의 치환은 본원의 도 3 및 15 내지 26의 클러스터에 제시된 바와 같은 형제 항체에 상이한 잔기가 존재하는 위치에서 항체 VH 또는 VL 도메인에 도입될 수 있다. 따라서, 예를 들어 항체는 프레임워크 영역에 1개 이상의 치환을 가지며, 여기서 이러한 1개 이상의 치환은 클러스터에서 가변적인 것으로 제시된 위치 (임의로, 클러스터 내의 항원-결합 B 세포로부터 수득된 형제 항체 및/또는 검정 데이터가 본원에 제시되어 있는 형제 항체 사이에서 달라지는 위치)에 존재하는, 본원에 개시된 IMPI 항체 또는 YANG 항체의 VH 및 VL 도메인을 포함할 수 있다. 클러스터 1의 경우, 예를 들어 IMGT 위치 67은 Tyr 또는 Asn이 존재할 수 있기 때문에 가변적이다. 임의로, 치환된 잔기는 형제 항체 서열 (바람직하게는, 항원-결합 B 세포로부터 수득된 형제 항체 또는 검정 데이터가 본원에 제시되어 있는 형제 항체의 서열)에 존재하는 아미노산 잔기이다. 따라서, IMPI-043에 존재하는 잔기를 반영하는 Y67N 돌연변이는 클러스터 1 항체에 도입될 수 있다. 반대로, 이 클러스터의 다른 형제 항체에 존재하는 잔기를 반영하는 N67Y 돌연변이는 IMPI-043의 VH 도메인에 도입될 수 있다. 언급된 바와 같이, 형질 세포로부터 회수되었고 (즉, 그의 발현 B 세포의 항원-결합을 통해 회수된 것이 아니라) 검정 데이터가 본원에 제시되어 있지 않은 형제 항체는 이 분석을 위해 임의로 무시될 수 있다. 이러한 형제 항체를 클러스터로부터 제외시킨 후, 각각의 클러스터 내의 나머지 형제 항체는 다음과 같다:

[1905] 클러스터 1: IMPI-016, IMPI-024, IMPI-026, IMPI-034, IMPI-043, IMPI-050, IMPI-051, IMPI-058

[1906] 클러스터 2: IMPI-001, IMPI-007, IMPI-019, IMPI-020, IMPI-023, IMPI-025, IMPI-030, IMPI-032, IMPI-039, IMPI-040, IMPI-053

[1907] 클러스터 3: IMPI-014, IMPI-018, IMPI-027, IMPI-033, IMPI-045, IMPI-048

[1908] 클러스터 4: IMPI-008, IMPI-010, IMPI-022, IMPI-035

[1909] 클러스터 5: IMPI-005, IMPI-029, IMPI-056

[1910] 클러스터 6: IMPI-002, IMPI-052

[1911] 클러스터 7: IMPI-041, IMPI-055

[1912] 클러스터 8: IMPI-003, IMPI-013

[1913] 클러스터 9: IMPI-042, IMPI-054

[1914] 클러스터 10: IMPI-021, IMPI-060

[1915] 클러스터 11: IMPI-061, IMPI-062, IMPI-063, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071

[1916] 클러스터 12: IMPI-067

[1917] 클러스터 13: YANG-1401, YANG-1401a, YANG-1401b, YANG-1401c, YANG-1401d, YANG-1401e

[1918] 클러스터 14: YANG 2107, YANG-2108, YANG-2108a, YANG-2108b, YANG-2108c, YANG-2108d, YANG-2108e, YANG-2108f, YANG-2108g, YANG-2108h, YANG-2108i, YANG-2108j, YANG-2108k, YANG-2108l

[1919] 클러스터 15: YANG-2111, YANG-2111a, YANG-2111b

[1920] 클러스터 16: YANG-2203, YANG-2203a, YANG-2203b, YANG-2203c, YANG-2203d, YANG-2203e, YANG-2203f, YANG-2203g, YANG-2203h, YANG-2203i, YANG-2203j, YANG-2203k.

[1921] 클러스터 17: YANG-2204, YANG-2205, YANG-2206, YANG-2207, YANG-2208, YANG-2209, YANG-2210, YANG-2211, YANG-2212, YANG-2213, YANG-2214, YANG-2215, YANG-2216, YANG-2217, YANG-2218, YANG-2219, YANG-2220, YANG-2221, YANG-2222, YANG-2223, YANG-2224, YANG-2225, YANG-2226, YANG-2227, YANG-2228, YANG-2229, YANG-2230, YANG-2231, YANG-2232, YANG-2233, YANG-2234, YANG-2235, YANG-2236, YANG-2237, YANG-2238,

YANG-2239, YANG-2240, YANG-2241, YANG-2242, YANG-2243, YANG-2244, YANG-2245, YANG-2246, YANG-2247, YANG-2248, YANG-2249, YANG-2250, YANG-2251, YANG-2252, YANG-2253, YANG-2254, YANG-2255, YANG-2256, YANG-2257, YANG-2258, YANG-2259, YANG-2260, YANG-2261, YANG-2262, YANG-2263, YANG-2264, YANG-2265, YANG-2266, YANG-2267, YANG-2268, YANG-2269, YANG-2270, YANG-2271, YANG-2272, YANG-2273, YANG-2274, YANG-2275, YANG-2276, YANG-2277, YANG-2278, YANG-2279, YANG-2280, YANG-2281, YANG-2282, YANG-2283, YANG-2284, YANG-2285, YANG-2286, YANG-2287, YANG-2288, YANG-2289, YANG-2290, YANG-2291, YANG-2292, YANG-2293, YANG-2294, YANG-2295, YANG-2296, YANG-2297, YANG-2298, YANG-2299, YANG-2299a, YANG-2299b, YANG-2299c, YANG-2299d, YANG-2299e, YANG-2299f, YANG-2299g, YANG-2299h, YANG-2299i, YANG-2299j, YANG-2299k, YANG-22991

[1922] 클러스터 18: YANG-1112, YANG-1112a, YANG-1112b, YANG-1112c

[1923] CDR에서이든 또는 프레임워크 영역에서이든 본원에 기재된 항체의 가변 도메인 서열에서 1개 이상의 돌연변이(1개 이상의 아미노산의 부가이든, 삽입이든, 치환이든 또는 결실이든)가 이루어진 경우에, 생성된 항체를 (예를 들어, 본원에 기재된 1개 이상의 검정에서) 시험하여 친화도 및/또는 효력이 보유됨을 확인할 수 있다.

[1924] 일부 예에서, 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 항체 중 어느 하나의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함한다.

[1925] 유전자 절편:

[1926] 일부 측면에서, 항체는 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 및 프레임워크 영역을 포함한다. 본원에 기재된 예시적인 항체가 유래된 유전자 절편 서열이 표 3에 제시된다.

[1927] 한 예에서, 항체는 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VH 도메인을 포함한다.

[1928] 한 예에서, 항체는 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VH 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01이고/거나; J 유전자 절편은 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02와 정렬된다.

[1929] 한 예에서, 항체는 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VH 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18이고/거나; J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1930] 한 예에서, 항체는 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VH 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01이고/거나; J 유전자 절편은 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02와 정렬된다.

[1931] 한 예에서, 항체는 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VH 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03, IGHV3-53*01 또는 IGHV3-30*18이고/거나; J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03, IGHV3-53*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03, IGHV3-53*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03, IGHV3-53*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[1932] 한 예에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함한다.

[1933] 한 예에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01이고/거나, J 유전자 절편은 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01과 정렬된다.

[1934] 한 예에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01이고/거나, J 유전자 절편은 IGKJ4*01이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ4*01과 정렬된다.

[1935] 한 예에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01이고/거나, J 유전자 절편은 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04와 정렬된다.

[1936] 한 예에서, 항체는 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하고, 여기서 V 유전자 절편은 IGKV1D-13*d01, IGKV3-20*01 또는 IGKV1-12*01이고/거나, J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01이다. 한 예에서, 항체는 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01, IGKV3-20*01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나, FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01, IGKV3-20*01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나, FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01, IGKV3-20*01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나, FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01과 정렬된다.

[1937] 항체 특성:

[1938] 일부 예에서, 항체는 모노클로날 항체이다. 모노클로날 항체를 제조하는 방법은 공지되어 있고, 예를 들어 골수종 세포를 목적하는 항원으로 면역화된 동물로부터의 세포와 융합시키는 것을 포함한다. 다른 예에서, 모노클로날 항체는 재조합 DNA 기술을 사용하여 생성될 수 있다. 한 예에서, 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 특이적으로 결합하는 모노클로날 항체이다. 한 예에서, 항체는 완전 인간 모노클로날 항체이다.

[1939] 일부 예에서, 항체는 인간 항체이다. 한 예에서, 항체는 완전 인간 항체이다. 한 예에서, 항체는 완전 인간 모노클로날 항체이다.

[1940] 서열 동일성:

[1941] 일부 예에서, 항체는 본원에 기재되고 표 1 (표 1a 및/또는 표 1b)에 제시된 예시적인 항체 중 하나의 아미노산 서열에 대해 높은 수준의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함한다.

[1942] 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 70% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 75% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 95% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 96% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 97% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 98% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 99% 동일하다. 한 예에서, 아미노산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 99.5% 동일하다.

[1943] 치환:

[1944] 일부 예에서, 항체는 아미노산 치환을 포함한다.

[1945] 아미노산 치환은 아미노산이 상이한 자연-발생 아미노산 잔기로 대체되는 변경을 포함한다. 이러한 치환은 "보존적"으로 분류될 수 있으며, 이 경우에 폴리펩티드에 함유된 아미노산 잔기는 극성, 측쇄 기능성 또는 크기와 관련하여 유사한 특징의 또 다른 자연 발생 아미노산으로 대체된다. 이러한 보존적 치환은 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다. 본 발명에 의해 포괄되는 치환은 또한 "비-보존적"일 수 있으며, 여기서 펩티드에 존재하는 아미노산 잔기는 상이한 특성을 갖는 아미노산, 예컨대 상이한 군으로부터의 자연-발생 아미노산으로 치환되거나 (예를 들어, 하전된 또는 소수성 아미노산을 알라닌으로 치환함) 또는 대안적으로 자연-발생 아미노산이 비-통상적인 아미노산으로 치환된다.

[1946] 한 실시양태에서, 보존적 아미노산 치환은 본원에 기재된 바와 같다. 예를 들어, 치환은 Y를 F로, T를 S 또는 K로, P를 A로, E를 D 또는 Q로, N을 D 또는 G로, R을 K로, G를 N 또는 A로, T를 S 또는 K로, D를 N 또는 E로, I를 L 또는 V로, F를 Y로, S를 T 또는 A로, R을 K로, G를 N 또는 A로, K를 R로, A를 S, K 또는 P로의 치환일 수 있다. 또 다른 실시양태에서, 보존적 아미노산 치환은 Y를 F로, T를 A 또는 S로, I를 L 또는 V로, W를 Y로, M을 L로, N을 D로, G를 A로, T를 A 또는 S로, D를 N으로, I를 L 또는 V로, F를 Y 또는 L로, S를 A 또는 T로 및 A를 S, G, T 또는 V로 치환한 것일 수 있다.

[1947] 한 예에서, 아미노산 치환은 CDR 서열 외부에 위치한다.

[1948] 경쇄:

[1949] 일부 예에서, 항체는 카파 경쇄를 포함한다. 카파 경쇄 불변 영역 아미노산 및 뉴클레오티드 서열은 서열식별번호: 447-456에 제시된다.

[1950] 한 예에서, 경쇄는 람다 경쇄일 수 있다. 람다 경쇄 불변 영역 아미노산 및 뉴클레오티드 서열은 서열식별번호: 457-481에서 찾아볼 수 있다.

[1951] 이소형, 불변 영역 + 변형:

[1952] 일부 예에서, 항체는 바이러스에 결합하여 바이러스가 세포를 감염시키는 것을 방지함으로써 (중화), 바이러스의 세포 내로의 진입 지점에서 감염의 진행을 차단할 수 있다. 이어서, 항체는 면역 세포에 의한 바이러스의 흡수 및 파괴 (옵소닌화)를 추가로 매개할 수 있다. 항체는 보체의 고정에 의해 바이러스 지질 외피의 파괴를 추가로 매개할 수 있다. 다른 예에서, 항체는 항체 의존성 세포성 세포독성 (ADCC)을 통해 감염된 세포의 사멸을 용이하게 하며, 여기서 항체는 감염된 세포에 결합하여 면역 세포가 이들을 사멸시키도록 한다. 항체에 대한 적절한 포맷 (예를 들어, IgG4 또는 IgG1)의 선택이 이들 결과 중 하나 이상을 달성하는 데 사용될 수 있다.

[1953] 감염은 원칙적으로 높은 친화도로 바이러스 스파이크 단백질에 결합하고 세포 진입을 방지하는 높은 효력의 중

화 항체에 의해 방지될 수 있다. 상기 항체에 대한 포맷은 제한된 Fc 이펙터 기능을 갖는 항체, 예를 들어 IgG4, 예를 들어 안정화된 IgG4 이소형일 수 있다. 예방적 세팅에서 항-IgG4 항체의 투여는 보호적 바이러스 중화 활성을 제공해야 하지만, 보호적 효능을 유지하기 위해 및 감염의 위험이 감소될 때까지 3-4주마다 항체의 반복 용량이 요구될 수 있다. 치료적 세팅에서 이러한 항체는 또한 바이러스를 중화시키고 바이러스 로드를 감소시켜 가능하게는 질환 중증도에 영향을 미칠 것이다.

[1954] 동일한 강력한 스파이크 결합 항체는 대안적으로 Fc 이펙터 기능을 갖는 부분, 예를 들어 IgG1 불변 영역을 포함함으로써 바이러스 진입을 중화시키고 사멸을 위해 감염된 세포를 표적화하도록 포맷화될 수 있다. 이펙터 가능화 항체는 자연 킬러 세포를 감염된 세포에 동원하여 ADCC를 달성하고/거나, 바이러스 입자의 옵소닌화를 용이하게 하여 대식세포에 의한 포식 및 파괴를 용이하게 하고/거나, 보체 침착을 위해 바이러스 입자를 표적화할 수 있다.

[1955] 본원에 기재된 항체는 불변 영역, 예컨대 인간 불변 영역, 예를 들어 이펙터-널 인간 불변 영역, 예를 들어 IgG4 불변 영역 또는 IgG1 불변 영역을 포함할 수 있고, 임의로 여기서 불변 영역은 IgG4-PE (서열식별번호: 441-446 및 482-483) 또는 서열식별번호: 425-426에 정의된 바와 같은 불능화 IgG1이다.

[1956] 다른 실시양태에서, 항체는 본원 상기에 정의된 바와 같은 임의의 이소형 또는 불변 영역이다. 한 실시양태에서, 불변 영역은 야생형 인간 IgG1 (서열식별번호: 417-424)이다. 예를 들어, 불변 영역은 임의로 ADCC 및/또는 CDC 활성을 갖는 이펙터-가능화 IgG1 불변 영역이다. 한 실시양태에서, 불변 영역은 증진된 ADCC 및/또는 CDC 및/또는 ADCP를 위해 조작된다. 또 다른 실시양태에서, 불변 영역은 증진된 이펙터 기능을 위해 조작된다.

[1957] 일부 실시양태에서, 항체는 클러스터링하는 항체의 능력을 증진시키는 변형을 포함할 수 있고, 따라서 보체 고정을 위한 보다 우수한 기질일 수 있다. IgG1의 Fc 도메인은, 예를 들어 E345 또는 E430에서 돌연변이되어 항체간 Fc:Fc 상호작용을 강화하고, 육량체의 형성을 자극할 수 있으며, 이는 표적 세포의 CDC 및 ADCC의 유도를 증진시킨다 (de Jong et al., PloS Biol 14(1) e1002344 2016). 육량체 형성은 임의로 이중특이적 항체 포맷과 조합된다.

[1958] IgG4 불변 영역은 임의의 IgG4 불변 영역 아미노산 서열일 수 있거나 또는 임의의 핵산 서열 (서열식별번호: 435-440)에 의해 코딩될 수 있다. 중쇄 불변 영역은 Leu235Glu 돌연변이 및 Ser228Pro 돌연변이 둘 다를 포함하는 IgG4일 수 있다. 이 "IgG4-PE" 중쇄 불변 영역 (서열식별번호: 441-446 및 482-483)은 이펙터 널이다.

[1959] 대안적 이펙터 널 인간 불변 영역은 L235A 및/또는 G237A 돌연변이를 포함하는 IgG1*01 대립유전자인 불능화 IgG1 (예를 들어, LAGA, 서열식별번호: 425-426)이다. 한 예에서, 본원에 개시된 항체 또는 항체 단편은 IgG1 중쇄 불변 영역을 포함하며, 여기서 서열은 위치 235 및/또는 237 (EU 인덱스 넘버링)에서 알라닌을 함유한다. 항체-의존성 세포 식세포작용 (ADCP) 메카니즘은 문헌 [Guel et al., "Antibody-Dependent Phagocytosis of Tumor Cells by Macrophages: A Potent Effector Mechanism of Monoclonal Antibody Therapy of Cancer", Cancer Res., 75(23), December 1, 2015]에 논의되어 있다.

[1960] Fc-매개 효과의 효력은 다양한 확립된 기술에 의해 Fc 도메인을 조작함으로써 증진될 수 있다. 이러한 방법은 특정 Fc-수용체에 대한 친화도를 증가시키거나 또는 억제 Fc-수용체에 대한 친화도를 감소시켜, 잠재적으로 다양한 활성화 증진 프로파일을 생성한다. 이는 1개 또는 여러개 아미노산 잔기의 변형에 의해 달성될 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Lazar et al., 2006, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., Mar 14; 103(11):4005-10]에 기재된 바와 같음; 그 안에 개시된 변형은 본원에 참조로 포함됨). 잔기 Asn297 상의 특이적 돌연변이 또는 변경된 글리코실화 (예를 들어 N297Q, EU 인덱스 넘버링)를 함유하는 인간 IgG1 불변 영역은 특정 Fc 수용체에 대한 결합을 증진시키는 것으로 밝혀졌다. 한 예에서, 이러한 돌연변이는 인간 IgG1 불변 영역에 대한 239, 332 및 330 (또는 다른 IgG 이소형에서의 동등한 위치)으로부터 선택된 잔기 중 1개 이상이다. 한 예에서, 항체 또는 단편은 N297Q, S239D, I332E 및 A330L (EU 인덱스 넘버링)로부터 독립적으로 선택된 1개 이상의 돌연변이를 갖는 인간 IgG1 불변 영역을 포함한다.

[1961] 또 다른 예에서, Fc-수용체에 대한 친화도의 증가는, 예를 들어 불충분 푸코실화 또는 탈푸코실화 변이체를 생성시켜 Fc 도메인의 천연 글리코실화 프로파일을 변경시킴으로써 달성된다 (문헌 [Natsume et al., 2009, Drug Des. Devel. Ther., 3:7-16] 또는 [Zhou Q., Biotechnol. Bioeng., 2008, Feb 15, 99(3):652-65]에 기재된 바와 같음, 그 안에 기재된 변형은 본원에 참조로 포함됨). 비-푸코실화 항체는 푸코스 잔기가 없는 Fc의 복합체-유형 N-글리칸의 트리-만노실 코어 구조를 보유한다. Fc N-글리칸으로부터의 코어 푸코스 잔기가 결여된 이들 당조작된 항체는 FcγRIIIa 결합 능력의 증진으로 인해 푸코실화 등가물보다 더 강한 ADCC를 나타낼 수 있다.

예를 들어, ADCC를 증가시키기 위해, 힌지 영역 내의 잔기를 변경시켜 Fc-γRIII에 대한 결합을 증가시킬 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Shields et al., 2001, J. Biol. Chem., Mar 2; 276(9):6591-604] 참조; 그 안에 기재된 변형은 본원에 참조로 포함됨). 따라서, 한 예에서, 항체 또는 단편은 야생형 인간 IgG 중쇄 불변 영역의 변이체인 인간 IgG 중쇄 불변 영역을 포함하며, 여기서 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 야생형 인간 IgG 중쇄 불변 영역이 FcyRIIB 및 FcyRIIA로 이루어진 군으로부터 선택된 인간 Fcγ 수용체에 결합하는 것보다 더 높은 친화도로 인간 Fcγ 수용체에 결합한다. 한 예에서, 항체 또는 단편은 야생형 인간 IgG 중쇄 불변 영역의 변이체인 인간 IgG 중쇄 불변 영역을 포함하며, 여기서 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 야생형 인간 IgG 중쇄 불변 영역이 인간 FcγRIIB에 결합하는 것보다 더 높은 친화도로 인간 FcγRIIB에 결합한다. 한 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 변이체 인간 IgG1, 변이체 인간 IgG2 또는 변이체 인간 IgG4 중쇄 불변 영역이다. 한 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 G236D, P238D, S239D, S267E, L328F 및 L328E (EU 인덱스 넘버링 시스템)로부터 선택된 1개 이상의 아미노산 돌연변이를 포함한다. 또 다른 예에서 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 S267E 및 L328F; P238D 및 L328E; P238D 및 E233D, G237D, H268D, P271G 및 A330R; P238D, E233D, G237D, H268D, P271G 및 A330R로 이루어진 군으로부터 선택된 1개 이상의 치환; G236D 및 S267E; S239D 및 S267E; V262E, S267E 및 L328F; 및 V264E, S267E 및 L328F (EU 인덱스 넘버링 시스템)으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 돌연변이의 세트를 포함한다. 또 다른 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 인간 FcγRIIIA, 인간 FcγRIIA 또는 인간 FcγRI에 대한 IgG의 친화도를 감소시키는 1개 이상의 아미노산 돌연변이를 추가로 포함한다. 한 예에서, FcγRIIB는 대식세포, 단핵구, B-세포, 수지상 세포, 내피 세포 및 활성화된 T-세포로 이루어진 군으로부터 선택된 세포 상에서 발현된다. 한 실시양태에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 하기 아미노산 돌연변이 G236A, S239D, F243L, T256A, K290A, R292P, S298A, Y300L, V305I, A330L, I332E, E333A, K334A, A339T 및 P396L (EU 인덱스 넘버링 시스템) 중 1개 이상을 포함한다. 한 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 S239D; T256A; K290A; S298A; I332E; E333A; K334A; A339T; S239D 및 I332E; S239D, A330L 및 I332E; S298A, E333A 및 K334A; G236A, S239D 및 I332E; 및 F243L, R292P, Y300L, V305I 및 P396L (EU 인덱스 넘버링 시스템)로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 돌연변이의 세트를 포함한다. 한 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 S239D, A330L 또는 I332E 아미노산 돌연변이 (EU 인덱스 넘버링 시스템)를 포함한다. 한 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 S239D 및 I332E 아미노산 돌연변이 (EU 인덱스 넘버링 시스템)를 포함한다. 한 예에서, 변이체 인간 IgG 중쇄 불변 영역은 S239D 및 I332E 아미노산 돌연변이 (EU 인덱스 넘버링 시스템)를 포함하는 변이체 인간 IgG1 중쇄 불변 영역이다. 한 예에서, 항체 또는 단편은 비-푸코실화 Fc 영역을 포함한다. 또 다른 예에서, 항체 또는 그의 단편은 탈푸코실화된다. 또 다른 예에서, 항체 또는 단편은 불충분 푸코실화된다.

[1962] 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체 및 단편은 FcRn에 대한 결합을 증진시키는 삼중 돌연변이 (M252Y/S254T/T256E)를 포함할 수 있다. 표 2에서의 FcRn 결합에 영향을 미치는 돌연변이의 논의에 대해서는 문헌 [Dall'Aqua et al., Immunol 2002; 169:5171-5180]을 참조하며, 그 안에 기재된 돌연변이는 본원에 참조로 포함된다.

[1963] 동일하게, CDC의 증진은 전형적 보체 활성화 캐스케이드의 제1 성분인 C1q에 대한 친화도를 증가시키는 아미노산 변화에 의해 달성될 수 있다 (문헌 [Idusogie et al., J. Immunol., 2001, 166:2571-2575] 참조; 기재된 변형은 본원에 참조로 포함됨). 또 다른 접근법은 IgG3의 경우 C1q에 대한 보다 높은 친화도를 이용하는 인간 IgG1 및 인간 IgG3 절편으로부터 생성된 키메라 Fc 도메인을 생성하는 것이다 (문헌 [Natsume et al., 2008, Cancer Res., 68: 3863-3872]; 변형은 본원에 참조로 포함됨). 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체 또는 항체 단편은 C1q 결합 및/또는 감소 또는 제거된 CDC 활성을 변경시키기 위해 잔기 329, 331 및/또는 322에서 돌연변이된 아미노산을 포함할 수 있다. 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체 또는 항체 단편은 잔기 231 및 239에서 변형을 갖는 Fc 영역을 함유할 수 있고, 이에 의해 아미노산이 대체되어 보체를 고정시키는 항체의 능력을 변경시킨다. 한 예에서, 항체 또는 단편은 E345K, E430G, R344D 및 D356R로부터 선택된 1개 이상의 돌연변이, 특히 R344D 및 D356R을 포함하는 이중 돌연변이를 포함하는 불변 영역을 갖는다 (EU 인덱스 넘버링 시스템).

[1964] 항체는 1종 이상의 유형의 Fc 수용체에 결합하지만 세포 이펙터 기능을 유도하지 않는, 즉 ADCC, CDC 또는 ADCP 활성을 매개하지 않는 중쇄 불변 영역을 가질 수 있다. 이러한 불변 영역은 ADCC, CDC 또는 ADCP 활성을 촉발하는 것을 담당하는 특정한 Fc 수용체(들)에 결합할 수 없다. 항체는 Fcγ 수용체에 결합하지 않는 중쇄 불변 영역을 가질 수 있다. 따라서, 한 예에서, 불변 영역은 Leu235Glu 돌연변이 (EU 인덱스 넘버링 시스템)를 포함할 수 있다.

[1965] 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체는 혈청 반감기를 증가 또는 감소시키도록 변형된다. 한 실시양태에서, 하

기 돌연변이: T252L, T254S 또는 T256F 중 1개 이상이 도입되어 항체의 생물학적 반감기를 증가시킨다. 생물학적 반감기는 또한 미국 특허 번호 5,869,046 및 6,121,022 (그 안에 기재된 변형은 본원에 참조로 포함됨)에 기재된 바와 같이, IgG의 Fc 영역의 CH2 도메인의 2개의 루프로부터 취한 샐비지 수용체 결합 에피토프를 함유하도록 중쇄 불변 영역 CH1 도메인 또는 CL 영역을 변경시킴으로써 증가될 수 있다. 또 다른 예에서, 본 발명의 항체 또는 항원-결합 단편의 Fc 힌지 영역은 항체 또는 단편의 생물학적 반감기를 감소시키도록 돌연변이된다. 1개 이상의 아미노산 돌연변이가 Fc-힌지 단편의 CH2-CH3 도메인 계면 영역 내로 도입되어 항체 또는 단편이 천연 Fc-힌지 도메인 스타필로코실 단백질 A (SpA) 결합에 비해 손상된 SpA 결합을 갖도록 한다. 혈청 반감기를 증가시키는 다른 방법은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지되어 있다. 따라서, 한 예에서, 항체 또는 단편은 PEG화된다. 또 다른 예에서, 항체 또는 단편은 알부민-결합 도메인, 예를 들어 알부민 결합 단일 도메인 항체 (dAb)에 융합된다. 또 다른 예에서, 항체 또는 단편은 PAS화된다 (즉, 큰 유체역학적 부피를 갖는 비하전된 무작위 코일 구조를 형성하는 PAS (XL-프로테인 게엠베하(XL-Protein GmbH))로 구성된 폴리펩티드 서열의 유전자 융합체). 또 다른 예에서, 항체 또는 단편은 XTEN화®/rPEG화된다 (즉, 치료 펩티드에 대한 비-정확 반복 펩티드 서열 (아무닉스(Amunix), 베르사르티스(Versartis))의 유전자 융합체). 또 다른 예에서, 항체 또는 단편은 ELP화된다 (즉, ELP 반복 서열 (페이즈바이오(PhaseBio))에 대한 유전자 융합체). 이들 다양한 반감기 연장 융합체는 문헌 [Strohl, BioDrugs (2015) 29:215-239]에 보다 상세히 기재되어 있으며, 이 융합체는 본원에 참조로 포함된다.

[1966] 항체는 안정성을 증가시키는 변형된 불변 영역을 가질 수 있다. 따라서, 한 예에서, 중쇄 불변 영역은 Ser228Pro 돌연변이를 포함한다. 또 다른 예에서, 본원에 개시된 항체 및 단편은 시스테인 잔기의 수를 변경시키도록 변형된 중쇄 힌지 영역을 포함한다. 이 변형은 경쇄 및 중쇄의 조립을 용이하게 하거나 또는 항체의 안정성을 증가 또는 감소시키는 데 사용될 수 있다.

[1967] 핵산, 벡터, 숙주 세포

[1968] 본원에 기재된 항체 중 어느 하나의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 핵산이 또한 제공된다. 본원에 기재된 각각의 예시적인 항체의 각각의 VH 및 VL 도메인을 코딩하는 핵산 서열이 표 1a 및 1b에 제시된다.

[1969] 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 70% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 80% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 90% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 95% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 96% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 97% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 98% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 99% 동일하다. 한 예에서, 핵산 서열은 명시된 서열식별번호에 대해 적어도 99.5% 동일하다.

[1970] 한 예에서, 핵산은 본원에 기재된 항체 중 어느 하나의 중쇄를 코딩한다. 또 다른 예에서, 핵산은 본원에 기재된 항체 중 어느 하나의 경쇄를 코딩한다.

[1971] 한 예에서, 핵산은 단리 및 정제된 핵산이다.

[1972] 상기 기재된 핵산을 포함하는 벡터가 또한 제공된다. 한 예에서, 벡터는 CHO 벡터일 수 있다. 한 예에서, 벡터는 HEK293 벡터일 수 있다.

[1973] 상기 기재된 핵산을 포함하는 숙주 세포가 또한 제공된다. 일부 예에서, 숙주 세포는 진핵 세포, 예를 들어 포유동물 세포, 바람직하게는 CHO 세포 (예를 들어, 현탁 배양으로 성장시킨 CHO 세포)이다.

[1974] 제약 조성물

[1975] 한 예에서, 유효량의 본원에 기재된 바와 같은 항체 및 제약상 허용되는 부형제를 포함하는 제약 조성물이 제공된다. 치료적으로 사용될 항체의 유효량은, 예를 들어 치료 목적, 투여 경로 및 환자의 상태에 좌우될 것이다. 한 예에서, 조성물은 다른 부형제 또는 안정화제를 포함한다.

[1976] 제약상 허용되는 부형제는 공지되어 있고, 사용되는 투여량 및 농도에서 그에 노출되는 세포 또는 포유동물에게 비독성인 담체, 부형제 또는 안정화제를 포함한다. 종종 생리학상 허용되는 부형제는 수성 pH 완충 용액이다. 생리학상 허용되는 부형제의 예는 완충제, 예컨대 포스페이트, 시트레이트 및 다른 유기 산; 항산화제, 예컨대 아스코르브산; 저분자량 (약 10개 미만의 잔기) 폴리펩티드; 단백질, 예컨대 혈청 알부민, 젤라틴 또는 이뮤노글로불린; 친수성 중합체, 예컨대 폴리비닐피롤리돈; 아미노산, 예컨대 글리신, 글루타민, 아스파라긴, 아르기

닌 또는 리신; 모노사카라이드, 디사카라이드 및 다른 탄수화물, 예컨대 글루코스, 만노스 또는 덱스트린; 킬레이트화제, 예컨대 에틸렌디아민테트라아세트산 (EDTA); 당 알콜, 예컨대 만니톨 또는 소르비톨; 염-형성 반대이온, 예컨대 나트륨; 및/또는 비이온성 계면활성제, 예컨대 트윈(TWEEN)™, 폴리에틸렌 글리콜 (PEG) 및 플루로닉스(PLURONICS)™를 포함한다.

[1977] 항체는 정맥내로 또는 코, 폐를 통해, 예를 들어 액체 또는 분말 에어로졸 (동결건조)로서 또는 액체의 분무에 의해 투여될 수 있다. 조성물은 또한 비경구로 또는 피하로 투여될 수 있다. 전신 투여되는 경우에, 조성물은 멸균되고, 발열원-무함유이며, pH, 등장성 및 안정성에 대해 적절하게 고려된 생리학상 허용되는 용액 중에 있어야 한다. 이들 조건은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지되어 있다.

[1978] 예방제 또는 치료제 (예를 들어, 본원에 개시된 바와 같은 항체) 또는 제약 조성물을 투여하는 방법은 비경구 투여 (예를 들어, 피내, 근육내, 복강내, 정맥내 및 피하), 경막외 및 점막 (예를 들어, 비강내 및 경구 경로)을 포함하나 이에 제한되지는 않는다. 구체적 예에서, 예방제 또는 치료제 (예를 들어, 본원에 개시된 바와 같은 항체) 또는 제약 조성물은 비강내로, 근육내로, 정맥내로 또는 피하로 투여된다. 예방제 또는 치료제 또는 조성물은 임의의 편리한 경로에 의해, 예를 들어 주입 또는 볼루스 주사에 의해, 상피 또는 점막피부 내층 (예를 들어, 구강 점막, 비강내 점막, 직장 및 장 점막 등)을 통한 흡수에 의해 투여될 수 있고, 다른 생물학적 활성제와 함께 투여될 수 있다. 투여는 전신 또는 국부일 수 있다. 각각의 용량은 동일한 투여 경로에 의해 투여될 수 있거나 또는 투여되지 않을 수 있다. 한 예에서, 본원에 개시된 바와 같은 항-SARS-CoV-2 항체는 다수의 투여 경로를 통해 동시에 또는 본원에 개시된 바와 동일한 또는 상이한 항-SARS-CoV-2 항체의 다른 용량에 후속적으로 투여될 수 있다.

[1979] 리포솜 내의 캡슐화, 마이크로입자, 마이크로캡슐, 항체를 발현할 수 있는 재조합 세포, 수용체-매개 세포내이입 (예를 들어, 문헌 [Wu and Wu, J. Biol. Chem. 262:4429-4432 (1987)] 참조), 레트로바이러스 또는 다른 벡터의 일부로서 핵산의 구축 등을 포함하나 이에 제한되지는 않는 다양한 전달 시스템이 공지되어 있고 예방제 또는 치료제 (예를 들어, 본원에 개시된 바와 같은 항체)를 투여하는 데 사용될 수 있다. 추가로, 폐 투여는, 예를 들어 흡입기 또는 네뷸라이저의 사용 및 에어로졸화제를 사용한 제제화에 의해 또한 사용될 수 있다. 예를 들어, 미국 특허 번호 6,019,968, 5,985,320, 5,985,309, 5,934,272, 5,874,064, 5,855,913, 5,290,540 및 4,880,078; 및 PCT 공개 번호 WO92/19244, WO97/32572, WO97/44013, WO98/31346 및 WO99/66903을 참조하며, 이들 각각은 그 전문이 본원에 참조로 포함된다.

[1980] 구체적 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 예방제 또는 치료제 또는 제약 조성물을 치료를 필요로 하는 영역에 국부로 투여하는 것이 바람직할 수 있다. 이는, 예를 들어 국부 주입에 의해, 국소 투여에 의해 (예를 들어, 비강내 스프레이에 의해), 주사에 의해 또는 이식물에 의해 달성될 수 있으며, 상기 이식물은 막, 예컨대 실라스틱 막 또는 섬유를 포함한 다공성, 비-다공성 또는 젤라틴성 물질이다. 항-SARS-CoV-2 항체를 투여하는 경우에, 항체가 흡수하지 않는 물질을 사용하도록 주의를 기울여야 한다.

[1981] 국부 및/또는 국소 투여, 예컨대 상피 또는 점막피부 내층에의 흡수에 의한 투여에 의도되는 의약의 경우에, 항체는 IgA 이소형 항체로서 제공될 수 있다. 인간 환자의 경우, 인간 IgA1 또는 인간 IgA2 항체가 바람직하다. 분무된 의약의 전달을 위한 제제를 포함한, 상기도 및/또는 하기도로의 항체 (또는 그의 코딩 핵산, 예를 들어 DNA 벡터 내의 것)의 흡입 및/또는 전달을 위해 제제화된 의약은 IgA (예를 들어, 인간 IgA1 또는 인간 IgA2) 항체를 포함할 수 있다. 따라서, IgA 항체 또는 그의 코딩 핵산을 포함하는 의약을, 의약의 안정화 및/또는 그의 표적 조직으로의 전달을 촉진하는 데 적합한 임의의 완충제 또는 다른 부형제와 함께 함유하는 흡입기, 네뷸라이저 및 유사한 장치가 제공될 수 있다.

[1982] 치료 용도

[1983] 본원에 기재된 항체는 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19를 치료 또는 예방하는 데 사용될 수 있다. 한 측면은 의약으로서의 본원에 기재된 항체 또는 조성물의 용도를 포함한다.

[1984] 따라서, 한 예에서, 환자에게 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 항체 또는 조성물이 제공된다. 또 다른 예에서, 환자에게 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위한 항체 또는 조성물이 제공된다.

[1985] 한 예에서, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 SARS-CoV-2-매개 질환 또는 상태이다.

[1986] 바람직하게는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 COVID-19-관련 질환 또는 상태이다. 일부 예에서, COVID-19-

관련 질환 또는 상태는 COVID-19이다. 일부 예에서, COVID-19-관련 질환 또는 상태는 SARS-CoV-2에 의한 감염의 긴 징후, 예컨대 '롱 COVID'이다.

[1987] 한 예에서, 상기 기재된 용도를 위한 항체 또는 용도를 위한 조성물로, COVID-19의 1종 이상의 증상이 감소된다. 한 예에서, SARS-CoV-2 감염의 진행이 감소된다. 한 예에서, COVID-19의 발생 위험이 감소된다. 한 예에서, 인간으로의 및/또는 인간으로부터의 SARS-CoV-2의 전파 위험이 감소된다.

[1988] 한 예에서, 상기 방법은 적어도 1종의 추가의 치료제를 투여하는 것을 추가로 포함한다. 한 예에서, 제1 항체 및 추가의 치료제는 동시에, 개별적으로 또는 순차적으로 투여된다.

[1989] 한 예에서, 추가의 치료제는 추가의 항체이다. 따라서, 본 발명의 모노클로날 항체는 다수의 (예를 들어, 2, 3 또는 4종의) 상이한 모노클로날 항체를 포함하는 항체 칵테일의 일부로서 투여될 수 있다.

[1990] 추가의 항체는 하기로부터 선택될 수 있다:

[1991] i. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[1992] ii. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[1993] iii. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[1994] iv. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[1995] v. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[1996] 추가의 항체는 제1 항체와 SARS-CoV-2의 동일하거나 상이한 서브유닛에 결합할 수 있다.

[1997] 추가의 항체는 제1 항체와 SARS-CoV-2의 동일하거나 상이한 도메인에 결합할 수 있다.

[1998] 항체 칵테일은 제1 항체 및 제2 항체 및 임의로 1종 이상의 추가의 항체를 포함할 수 있다.

[1999] 한 예에서, 제1 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 경우에, 제2 항체는 또한 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합한다.

[2000] 항체 칵테일은, 예를 들어 하기를 포함할 수 있다:

[2001] i. SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하는 제1 항체; 및

[2002] ii. 또한 SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하는 제2 항체.

[2003] 항체 칵테일은, 예를 들어 하기를 포함할 수 있다:

[2004] iii. SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하는 제1 항체; 및

[2005] iv. ACE2 에피토프 영역 외부의 SARS-CoV-2의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하여, SARS-CoV-2에의 결합에 대해 ACE2와 경쟁하지 않도록 하는 제2 항체.

[2006] 대안적으로, 한 예에서, 제1 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 경우에, 제2 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합한다. 또 다른 예에서, 제1 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 경우에, 제2 항체인 추가의 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합한다. 또 다른 예에서, 제1 항체가 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 경우에, 제2 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합한다.

[2007] SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하기 위한 의약의 제조에서의 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 조성물의 용도가 본원에 제공된다. SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하기 위한 의약의 제조에서의 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 조성물의 용도가 또한 제공된다. 바람직하게는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 COVID-19이다. 따라서, 한 예에서, COVID-19의 1종 이상의 증상이 감소된다. 또 다른 예에서, SARS-CoV-2 감염의 진행이 감소된다. 또 다른 예에서, COVID-19의 발생 위험이 감소된다. 또 다른 예에서, 인간으로의 및/또는 인간으로부터의 SARS-CoV-2의 전파 위험이 감소된다.

[2008] 한 예에서, 본원에 기재된 항체 또는 조성물의 용도는 적어도 1종의 추가의 치료제를 투여하는 것을 추가로 포함한다. 한 예에서, 제1 항체 및 추가의 치료제는 동시에, 개별적으로 또는 순차적으로 투여된다. 한 예에서, 추가의 치료제는 본원에 정의된 바와 같은 추가의 항체이다.

[2009] 인간에게 치료 유효량의 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법이 제공된다. 인간에게 치료 유효량의 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법이 또한 제공된다. 바람직하게는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태는 COVID-19이다. 한 예에서, COVID-19의 1종 이상의 증상이 감소된다. 한 예에서, SARS-CoV-2 감염의 진행이 감소된다. 한 예에서, COVID-19의 발생 위험이 감소된다. 한 예에서, 인간으로의 및/또는 인간으로부터의 SARS-CoV-2의 전파 위험이 감소된다.

[2010] 한 예에서, 상기 방법은 적어도 1종의 추가의 치료제를 투여하는 것을 추가로 포함한다. 한 예에서, 제1 항체 및 추가의 치료제는 동시에, 개별적으로 또는 순차적으로 투여된다. 한 예에서, 추가의 치료제는 본원의 어느 곳에 정의된 바와 같은 추가의 항체이다.

[2011] 한 예에서, 항체는 항체가 약물 모이어티에 연결된 항체-약물 접합체로서 투여된다. 예를 들어, 항체는 시토카인, 케모카인 또는 소분자 항바이러스제일 수 있는 약물 모이어티에 연결될 수 있다.

[2012] 본원에 기재된 항체는 COVID19 환자에 대해 사망을 예방하고 회복 및 퇴원까지의 시간을 단축시키는 데 사용될 수 있다. 환자는 일반적으로 인간 환자일 것이고, 병원에 입원하여 SARS-CoV-2에 대한 검사에서 양성으로 진단되고/거나 COVID19를 앓고 있는 것으로 의심되거나 여겨지는 환자일 수 있다. 치료를 위한 환자군은 COVID-19로 입원한 모든 사람을 포함한다.

[2013] 일부 예에서, 본원에 기재된 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 단독으로 또는 다른 항-SARS-CoV-2 항체 또는 다른 항-SARS-CoV-2 항체를 포함하는 제약 조성물과 조합되어 사용될 수 있다. 2종 이상의 항-SARS-CoV-2 항체의 조합은, 예를 들어 슈도바이러스 검정 또는 생 바이러스 검정으로 측정 시, 단일 항체의 효력과 비교하여 상가적 또는 상승작용적 효력을 가질 수 있다. 일부 예에서, RBD 및 S2 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상가적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상가적 효력을 갖는다. 일부 예에서, S2 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상가적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD 및 NTD 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상가적 효력을 갖는다. 일부 예에서, S2 및 NTD 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상가적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD 및 S2 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상승작용적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상승작용적 효력을 갖는다. 일부 예에서, S2 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상승작용적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD 및 NTD 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상승작용적 효력을 갖는다. 일부 예에서, S2 및 NTD 항체의 조합은 단일 mAb에 비해 상승작용적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD, S2 및 NTD 항체의 삼중 조합은 단일 mAb에 비해 상가적 효력을 갖는다. 일부 예에서, RBD, S2 및 NTD 항체의 삼중 조합은 단일 mAb에 비해 상승작용적 효력을 갖는다.

[2014] 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 직접 작용 항바이러스 (DAA) 약물과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 항염증 의약과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 유형 I 인터페론과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 유형 II 인터페론과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 유형 III 인터페론과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 COVID-19-관련 사망을 감소시키는 또 다른 약물과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 제약 조성물은 COVID-19-관련 유도된 염증을 감소시키는 또 다른 약물과 조합되어 투여된다. 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 또는 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는

제약 조성물은 COVID-19에 대한 경도에서 중증으로의 중증도 또는 질환 진행을 감소시키는 또 다른 약물과 조합되어 투여된다.

[2015] 또 다른 예에서, SARS-CoV-2 관련 질환, 예컨대 COVID-19를 치료하기 위한 키트로서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 및 치료를 필요로 하는 대상체에게 항체를 투여하는 것에 대한 지침서를 포함하는 키트가 제공된다. 본원에 개시된 바와 같은 제약 조성물의 성분 중 1종 이상, 예컨대 본원에 제공된 1종 이상의 항-SARS-CoV-2 항체로 충전된 1개 이상의 용기를 포함하는 제약 또는 진단 팩 또는 키트가 또한 제공된다. 제약 또는 생물학적 제품의 제조, 사용 또는 판매를 규제하는 정부 기관에 의해 규정된 형태의 통지문이 이러한 용기(들)와 임의로 회합될 수 있으며, 상기 통지문은 인간 투여를 위한 제조, 사용 또는 판매의 기관에 의한 승인, 예를 들어 허가 번호를 반영한다.

[2016] 또 다른 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체를 함유하는 조성물이 있는 용기 및 조성물이 SARS-CoV-2 관련 질환, 예컨대 COVID-19를 치료하는 데 사용될 수 있다는 것을 나타내는 패키징 삽입물 또는 라벨을 포함하는 제조 물품이 제공된다. 한 예에서, SARS-CoV-2 관련 질환, 예컨대 COVID-19를 치료 및/또는 예방하기 위한 키트로서, 이러한 키트는 본원의 임의의 예 또는 예의 조합에 개시된 바와 같은 항체 (및 임의로 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같은 추가의 치료제)를, 임의로 인간에서 상기 질환 또는 상태를 치료 및/또는 예방하기 위한 사용에 대한 라벨 또는 지침서와 조합하여 포함하고; 임의로 여기서 라벨 또는 지침서는 시판 허가 번호 (예를 들어, FDA 또는 EMA 허가 번호)를 포함하고; 임의로 여기서 키트는 항체를 포함하는 IV 또는 주사 장치를 포함하는 것인 키트가 제공된다. 또 다른 예에서, 키트는 용기 또는 IV 백 내에 함유된 항체를 포함한다. 또 다른 예에서, 용기 또는 IV 백은 멸균 용기 또는 멸균 IV 백이다. 또 다른 예에서, 항체는 (멸균) 용기 내에 함유되거나 또는 (멸균) IV 백 내에 함유되는 제약 조성물로 제제화된다. 추가의 예에서, 키트는 사용에 대한 지침서를 추가로 포함한다.

[2017] 또 다른 예에서, SARS-CoV-2 관련 질환, 예컨대 COVID-19를 치료하기 위한 키트로서, 본원에 기재된 바와 같은 항체 및 치료를 필요로 하는 대상체에게 항체를 투여하는 것에 대한 지침서를 포함하는 키트가 제공된다. 필요로 하는 대상체는 역학적 데이터, 사람의 건강 기록으로부터의 위험도 계층화 데이터, 개체의 특정 유전자의 유전자형에 의한 위험도 계층화, 또는 사람의 혈액 또는 다른 조직 샘플 내 특정 바이오마커의 존재에 의해 정의되는 특정 고위험군 중 누군가로서 키트에 구체적으로 정의된다. 위험도 계층화가 또 다른 제약 또는 진단 팩 또는 키트를 수반하는 경우에, 조합된 제품은 연관된 진단/예후 및 치료 키트로서 작용할 것이다.

[2018] 감염의 예방 - 예방적 용도

[2019] 본원에 기재된 바와 같은 항체는 예방적으로 사용될 수 있다. 항체의 투여는 SARS-CoV-2에 의한 감염을 예방하거나 또는 감염의 위험을 감소시킬 수 있다. 항체는, 예를 들어 높은 전파 환경의 위험이 있는 환자에서 감염을 예방하고 백신접종될 수 없거나 백신 효능이 낮은 환자에서 감염을 예방하는 데 사용될 수 있다.

[2020] 1. 영국에서 약 수십만명의 사람들이 기저 동반이환 및 면역 결핍으로 인해 백신접종될 수 없는 것으로 추정된다.

[2021] 2. 백신 효능은 50세가 넘는 사람에서 점차 감소하는 것으로 알려져 있다. 영국에서 인구의 18% (~12백만명의 사람)는 65세 초과이다.

[2022] 종종, 군 1 및 군 2는 중첩된다. 이들은 피크 SARS-CoV-2 전파 동안 mAb 예방에 대한 위험군을 정의한다. 관련 종점은 위험군(들)에서의 감소된 감염률이다.

[2023] 진단

[2024] 본원에 기재된 바와 같은 항체는 환자로부터의 생물학적 샘플에서 SARS-CoV-2의 존재, 부재 및/또는 수준을 검출하는 데 사용될 수 있다. 한 예에서, 생물학적 샘플은 조직 샘플 (예를 들어, 병리상태 연구에서의 샘플 또는 진단 및 예후에 사용되는 조직의 생검 샘플)이다. 다른 예에서, 생물학적 샘플은 혈액, 혈장, 혈청, 소변, 대변, 뇌척수액 (CFS)이다. 다른 예에서, 생물학적 샘플은 비강 또는 인후 스왑으로부터의 것이다. 액체 샘플은 많은 유형의 진단 검정에서 사용하기에 편리하다.

[2025] 본원에 기재된 항체는 기준선에서, 즉 치료 전에 SARS-CoV-2의 존재, 부재 및/또는 수준을 확인하는 데 사용될 수 있다.

[2026] 본원에 기재된 항체는 요법을 안내하는 데, 특히 치료 동안 또는 치료 후에 SARS-CoV-2의 존재, 부재 및/또는

수준을 확인하는 데 사용될 수 있다.

[2027] 본원에 기재된 항체는 치료 과정이 효과적인지 여부 및 치료가 계속되어야 하는지 아닌지 여부를 평가하는 것을 돕기 위해 환자 모니터링에 사용될 수 있다.

[2028] 한 예에서, 본원에 기재된 항체는 검출가능한 모이어티, 예를 들어 방사성표지, 형광 표지, 효소적 표지, 화학발광 표지 또는 비오티닐 기로 표지된다. 방사성동위원소 또는 방사성핵종은 3H, 14C, 15N, 35S, 90Y, 99Tc, 115In, 125I, 131I를 포함할 수 있고, 형광 표지는 로다민, 란타나이드 인광체 또는 FITC를 포함할 수 있고, 효소적 표지는 양고추냉이 퍼옥시다제, β-갈락토시다제, 루시페라제, 알칼리성 포스파타제를 포함할 수 있다. 추가의 표지는, 예시로서 및 비제한적으로 하기를 포함한다: 효소, 예컨대 글루코스-6-포스페이트 데히드로게나제 ("G6PDH"), 알파-D-갈락토시다제, 글루코스 옥시다제, 글루코스 아밀라제, 탄산 안히드라제, 아세틸콜린에스테라제, 리소자임, 말레이트 데히드로게나제 및 퍼옥시다제; 염료; 추가의 형광 표지 또는 형광물질, 예컨대 플루오레세인 및 그의 유도체, 형광색소, GFP ("녹색 형광 단백질"에 대한 GFP), 단실, 움벨리페론, 피코에리트린, 피코시아닌, 알로피코시아닌, o-프탈알데히드 및 플루오레사민; 형광단, 예컨대 란타나이드 크립테이트 및 킬레이트, 예를 들어 유로퓸 등 (퍼킨 엘머 및 시스바이오 어세이); 화학발광 표지 또는 화학발광물질, 예컨대 이소루미놀, 루미놀 및 디옥세탄; 감작제; 조효소; 효소 기질; 입자, 예컨대 라텍스 또는 탄소 입자; 금속 졸; 결정자; 리포솜; 염료, 촉매 또는 다른 검출가능한 기로 추가로 표지될 수 있는 세포 등; 분자, 예컨대 비오틴, 디곡시게닌 또는 5-브로모데옥시우리딘; 독소 모이어티, 예컨대, 예를 들어 슈도모나스 외독소 (PE 또는 그의 세포독성 단편 또는 돌연변이체), 디프테리아 독소 또는 그의 세포독성 단편 또는 돌연변이체, 보툴리눔 독소 A, B, C, D, E 또는 F, 리신 또는 그의 세포독성 단편, 예를 들어 리신 A, 아브린 또는 그의 세포독성 단편, 사포린 또는 그의 세포독성 단편, 미국자리공 항바이러스 독소 또는 그의 세포독성 단편 및 브리오딘 1 또는 그의 세포독성 단편의 군으로부터 선택된 독소 모이어티.

[2029] 한 예에서, 항체가 환자에게 투여될 수 있으며, 여기서 항체는 표지에 접합된다. 환자에서의 표지의 존재가 측정되거나 관찰될 수 있으며, 여기서 비교적 많은 양의 표지는 질환의 높은 위험을 나타낼 수 있고, 비교적 적은 양의 표지는 질환의 비교적 낮은 위험을 나타낼 수 있다. 한 예에서, 표지는 조영제, 동위원소 태그 또는 형광 마커, 예컨대 녹색 형광 단백질이다.

[2030] 진단에 사용하기 위해, 높은 친화도, 특히 빠른 온-레이트 및 느린 오프-레이트 (예를 들어, SPR에 의해 측정시)를 갖는 항체가 특히 가치있다.

[2031] 일부 실시양태에서, 진단 검정에 2종의 항체를 포함시키는 것이 바람직하고, 이들은 바람직하게는 스파이크 단백질의 상이한 영역에 대해 지시되어야 한다. 진단 검정은 이중 항원 결합 검정 (DABA)일 수 있다. DABA에서, 제1 항체는 샘플 내 바이러스 또는 스파이크 단백질에 결합하는 포획 항체로서 사용되고 (이러한 목적을 위해, 상기 언급된 바와 같이 빠른 온-레이트 및 느린 오프-레이트를 갖는 높은 친화도 항체가 바람직함), 포획 항체의 에피토프와 상이한 에피토프에 특이적인 제2 항체가 검출에 사용된다. 따라서, 제2 항체는 직접 또는 간접 표지에 의해 검출가능하게 표지될 수 있다. DABA는 제1 항체 (임의로 표면 상에 고정화됨)를 제공하고, 표면을 샘플과 접촉시켜 항원 (존재하는 경우)이 포획되도록 하고, 이어서 세척하여 미결합 항원 및 샘플을 제거하고, 이어서 표면을 검출 항체에 노출시켜 항원 (존재하는 경우)에 결합하도록 하고, 세척하여 미결합 검출 항체를 제거하고, 검출 항체의 존재를 검출하는 것을 포함할 수 있다. 검출 항체의 존재는 샘플이 스파이크 단백질에 대해 양성이라는 것을 나타낸다. 이 유형의 검정은 환자가 바이러스로 감염되었는지 여부를 결정하는 데 사용될 수 있다.

[2032] 다른 실시양태에서, 진단 검정은 경쟁적 항체로서 중화 항체 (예를 들어, ACE2에 대한 스파이크 단백질의 결합을 중화시키는 항체)를 사용하여 회복기 환자, 백신접종된 개체 또는 이전에 SARS-CoV-2로 감염된 자의 혈청 중 중화 항체의 수준을 결정할 수 있다. 중화 모노클로날 항체는 검정에서 과량으로 공급되고, 샘플 내 항체와의 경쟁이 평가된다. 경쟁의 검출은 샘플 내 중화 항체의 존재를 나타낸다.

[2033] 한 예에서, 생물학적 샘플 내 SARS-CoV-2를 검출하기 위한 키트가 제공된다. 키트는 SARS-CoV-2 관련 질환을 스크리닝하는 데 사용될 수 있다. 한 예에서, 키트는 본원의 어느 곳에 기재된 바와 같은 본 발명에 따른 항체 및 항체가 샘플 내 SARS-CoV-2에 결합하는지 여부를 결정하기 위한 수단을 포함한다. 한 예에서, 항체는 SARS-CoV-2에 대해 특이적이다. 한 예에서, 항체는 표지된다. 또 다른 예에서, 항체는 비표지된 1차 항체이고, 키트는 1차 항체를 검출하기 위한 수단을 포함한다. 한 예에서, 검출 수단은 항-이뮤노글로불린 항체인 표지된 2차 항체를 포함한다. 항체는, 예를 들어 형광색소, 효소, 방사성핵종 및 방사선비투과성 물질을 포함한 임의의 적합한 마커로 표지될 수 있다.

[2034] 한 예에서, 1차 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고 결합에 대해 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체이고, 2차 항체는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 RBD에 특이적으로 결합하고 결합에 대해 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체이다.

[2035] 한 예에서, SARS-CoV-2를 검출하기 위한 키트로서, 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 키트가 제공된다. 한 예에서, 키트는 또한 지침서 및 SARS-CoV-2를 검출하기 위한 1종 이상의 시약을 포함할 수 있다.

[2036] 항목

[2037] 본 발명의 측면은 하기 문자 및 번호가 매겨진 항목에 개시된다:

[2038] A1. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체.

[2039] A2. 항목 A1에 있어서,

[2040] (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하는 항체.

[2041] A3. 항목 A1에 있어서,

[2042] (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시는 항체.

[2043] A4. 항목 A2 또는 항목 A3에 있어서,

[2044] (예를 들어 표면 플라즈몬 공명 (SPR)에 의해 측정 시) 10^{-9} M 이하의 KD로 SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD에 결합하고, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 50pM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키는 항체.

[2045] A5. 항목 A1 내지 A4 중 어느 하나에 있어서,

[2046] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2047] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 HCDR3인 항체.

[2048] A6. 항목 A2에 있어서,

[2049] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2050] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 HCDR3인 항체.

[2051] A7. 항목 A3에 있어서,

[2052] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2053] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055, IMPI-059 또는 IMPI-017의 HCDR3인 항체.

[2054] A8. 항목 A4에 있어서,

[2055] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2056] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 HCDR3인 항체.

[2057] A9. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-029의 HCDR3인 항체.

[2058] A10. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-056의 HCDR3인 항체.

[2059] A11. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-005의 HCDR3인 항체.

[2060] A12. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-012의 HCDR3인 항체.

[2061] A13. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-052의 HCDR3인 항체.

[2062] A14. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-002의 HCDR3인 항체.

[2063] A15. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-041의 HCDR3인 항체.

[2064] A16. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-036의 HCDR3인 항체.

[2065] A17. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-055의 HCDR3인 항체.

[2066] A18. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-054의 HCDR3인 항체.

[2067] A19. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-042의 HCDR3인 항체.

[2068] A20. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-021의 HCDR3인 항체.

[2069] A21. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-004의 HCDR3인 항체.

[2070] A22. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-047의 HCDR3인 항체.

[2071] A23. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-017의 HCDR3인 항체.

[2072] A24. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-059의 HCDR3인 항체.

[2073] A25. 항목 A5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-028의 HCDR3인 항체.

[2074] A26. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2075] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2076] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 것인 항체.

[2077] A27. SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2078] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2079] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 것인 항체.

[2080] A28. 항목 A1 내지 A4 중 어느 하나에 있어서,

[2081] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2082] 여기서 CDR은 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 것인 항체.

[2083] A29. 항목 A2에 있어서,

[2084] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2085] 여기서 CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 것인 항체.

[2086] A30. 항목 A3에 있어서,

[2087] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2088] 여기서 CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055, IMPI-059 또는 IMPI-017의 것인 항체.

[2089] A31. 항목 A4에 있어서,

[2090] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2091] 여기서 CDR은 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 것인 항체.

[2092] A32. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-029의 CDR을 갖는 항체.

[2093] A33. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-056의 CDR을 갖는 항체.

[2094] A34. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-005의 CDR을 갖는 항체.

[2095] A35. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-012의 CDR을 갖는 항체.

[2096] A36. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-052의 CDR을 갖는 항체.

[2097] A37. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-002의 CDR을 갖는 항체.

[2098] A38. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-041의 CDR을 갖는 항체.

[2099] A39. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-036의 CDR을 갖는 항체.

[2100] A40. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-055의 CDR을 갖는 항체.

[2101] A41. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-054의 CDR을 갖는 항체.

[2102] A42. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-042의 CDR을 갖는 항체.

[2103] A43. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-021의 CDR을 갖는 항체.

[2104] A44. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-004의 CDR을 갖는 항체.

[2105] A45. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-047의 CDR을 갖는 항체.

[2106] A46. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-017의 CDR을 갖는 항체.

[2107] A47. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-059의 CDR을 갖는 항체.

[2108] A48. 항목 A26 내지 A28 중 어느 하나에 있어서, 항체 IMPI-028의 CDR을 갖는 항체.

[2109] A49. 항목 A1 내지 A4 중 어느 하나에 있어서,

[2110] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2111] A50. 항목 A2에 있어서,

[2112] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2113] A51. 항목 A3에 있어서,

[2114] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는

IMPI-017의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2115] A52. 항목 A4에 있어서,

[2116] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2117] A53. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-029의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2118] A54. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-056의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-056의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2119] A55. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-005의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-005의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2120] A56. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-012의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-012의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2121] A57. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-052의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-052의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2122] A58. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-002의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-002의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2123] A59. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-041의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-041의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2124] A60. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-036의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-036의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2125] A61. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-055의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-055의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2126] A62. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-054의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-054의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2127] A63. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-042의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-042의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2128] A64. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-021의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-021의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2129] A65. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을

갖는, 항체 IMPI-004의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-004의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2130] A66. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-047의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-047의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2131] A67. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-017의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-017의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2132] A68. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-059의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2133] A69. 항목 A49에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-028의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2134] A70. 항목 A1 내지 A4 중 어느 하나에 있어서,

[2135] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2136] 단 항체는 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2137] A71. 항목 A2에 있어서,

[2138] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2139] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-055 또는 IMPI-059의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2140] A72. 항목 A3에 있어서,

[2141] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2142] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059 또는 IMPI-017의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2143] A73. 항목 A4에 있어서,

[2144] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2145] 단 항체는 항체 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-055 또는 IMPI-059의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2146] A74. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-029의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-029의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-029의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2147] A75. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-056의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-056의 VL 도메인 서열에 대해 적어도

90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-056의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2148] A76. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-005의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-005의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-005의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2149] A77. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-012의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-012의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-012의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2150] A78. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-052의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-052의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-052의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2151] A79. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-002의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-002의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-002의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2152] A80. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-041의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-041의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-041의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2153] A81. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-036의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-036의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-036의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2154] A82. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-055의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-055의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-055의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2155] A83. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-054의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-054의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-054의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2156] A84. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-042의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-042의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-042의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2157] A85. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-021의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-021의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-021의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2158] A86. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-004의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-004의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-004의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2159] A87. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-047의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-047의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-047의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2160] A88. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-017의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-017의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-017의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2161] A89. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-059의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-059의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-059의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2162] A90. 항목 A70에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-028의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90%

동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-028의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-028의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2163] A91. 항목 A1 내지 A4 중 어느 하나에 있어서,

[2164] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2165] A92. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서,

[2166] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059 또는 IMPI-028의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2167] A93. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-029의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2168] A94. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-056의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2169] A95. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-005의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2170] A96. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-012의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2171] A97. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-052의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2172] A98. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-002의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2173] A99. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-041의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2174] A100. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-036의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2175] A101. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-055의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2176] A102. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-054의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2177] A103. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-042의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2178] A104. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-021의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2179] A105. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-004의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2180] A106. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-047의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2181] A107. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-017의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2182] A108. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-059의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2183] A109. 항목 A91 또는 항목 A92에 있어서, 항체 IMPI-028의 VH 도메인 및 VL 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2184] A110. 항목 A1 내지 A4 중 어느 하나에 있어서, 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함하는 항체.

[2185] A111. 항목 A1 내지 A4 및 A110 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2186] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2187] V 유전자 절편은 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01이고/거나;

[2188] J 유전자 절편은 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02이거나, 또는

[2189] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2190] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나,

[2191] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나,

[2192] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬되고/거나,

[2193] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02와 정렬된다.

[2194] A112. 항목 A1 내지 A4, A110 및 A111 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2195] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[2196] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV3-53*01, IGHV1-8*01 또는 IGHV3-33*01과 정렬된다.

[2197] A113. 항목 A1 내지 A4 및 A110 내지 A112 중 어느 하나에 있어서, J 유전자 절편이 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4가 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02, IGHJ4*02 또는 IGHJ3*02와 정렬되는 것인 항체.

[2198] A114. 항목 A1 내지 A4 및 A110 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VL 도메인을 포함하는 항체:

[2199] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2200] V 유전자 절편은 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01이고/거나,

[2201] J 유전자 절편은 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01이거나; 또는

[2202] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2203] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2204] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2205] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2206] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01과 정렬된다.

[2207] A115. 항목 A1 내지 A4 및 A110 중 어느 하나에 있어서, 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서 하기인 항체:

[2208] V 유전자 절편은 IGKV1-9*d01, IGKV6-21*01, IGKV1-33*01 또는 IGKV3-20*01이고, 임의로

[2209] J 유전자 절편은 IGKJ5*01, IGKJ4*01, IGKJ3*01, IGKJ2*04 또는 IGKJ1*01이다.

[2210] B1. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, 단리된 S1 서브유닛 또는 단리된 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[2211] B2. 항목 B1에 있어서, 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 특이적으로 결합하고, 단리된 RBD 도메인에는 결합하지 않는 항체.

[2212] B3. 항목 B1 또는 항목 B2에 있어서, 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, 단리된 S1 서브유닛 또는 단리된 S2 서브유닛에는 결합하지 않는 항체.

[2213] B4. 항목 B1 내지 B3 중 어느 하나에 있어서, (예를 들어 슈도바이러스 중화 검정에서 측정 시) 75nM 이하, 바람직하게는 15nM 이하의 IC50으로 SARS-CoV-2를 중화시키는 항체.

[2214] B5. 항목 B1 내지 B4 중 어느 하나에 있어서,

[2215] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2216] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 HCDR3인 항체.

[2217] B6. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-030의 HCDR3인 항체.

[2218] B7. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-053의 HCDR3인 항체.

[2219] B8. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-025의 HCDR3인 항체.

[2220] B9. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-040의 HCDR3인 항체.

[2221] B10. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-007의 HCDR3인 항체.

[2222] B11. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-020의 HCDR3인 항체.

[2223] B12. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-032의 HCDR3인 항체.

[2224] B13. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-023의 HCDR3인 항체.

[2225] B14. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-039의 HCDR3인 항체.

[2226] B15. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-001의 HCDR3인 항체.

[2227] B16. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-019의 HCDR3인 항체.

[2228] B17. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-010의 HCDR3인 항체.

[2229] B18. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-008의 HCDR3인 항체.

[2230] B19. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-031의 HCDR3인 항체.

[2231] B20. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-057의 HCDR3인 항체.

[2232] B21. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-022의 HCDR3인 항체.

[2233] B22. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-035의 HCDR3인 항체.

[2234] B23. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-067의 HCDR3인 항체.

[2235] B24. 항목 B5에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-072의 HCDR3인 항체.

[2236] B25. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2237] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2238] 여기서 CDR은 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 것인 항체.

[2239] B26. 항목 B1 내지 B4 중 어느 하나에 있어서,

[2240] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2241] 여기서 CDR은 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 것인 항체.

[2242] B27. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-030의 CDR을 갖는 항체.

[2243] B28. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-053의 CDR을 갖는 항체.

[2244] B29. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-025의 CDR을 갖는 항체.

[2245] B30. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-040의 CDR을 갖는 항체.

[2246] B31. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-007의 CDR을 갖는 항체.

[2247] B32. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-020의 CDR을 갖는 항체.

[2248] B33. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-032의 CDR을 갖는 항체.

[2249] B34. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-023의 CDR을 갖는 항체.

[2250] B35. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-039의 CDR을 갖는 항체.

[2251] B36. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-001의 CDR을 갖는 항체.

[2252] B37. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-019의 CDR을 갖는 항체.

[2253] B38. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-010의 CDR을 갖는 항체.

[2254] B39. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-008의 CDR을 갖는 항체.

[2255] B40. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-031의 CDR을 갖는 항체.

[2256] B41. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-057의 CDR을 갖는 항체.

[2257] B42. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-022의 CDR을 갖는 항체.

[2258] B43. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-035의 CDR을 갖는 항체.

[2259] B44. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-067의 CDR을 갖는 항체.

[2260] B45. 항목 B25 또는 항목 B26에 있어서, 항체 IMPI-072의 CDR을 갖는 항체.

[2261] B46. 항목 B1 내지 B4 중 어느 하나에 있어서,

[2262] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2263] B47. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-030의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-030의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2264] B48. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-053의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-053의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2265] B49. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-025의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-025의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2266] B50. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-040의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-040의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2267] B51. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-007의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-007의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2268] B52. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을

갖는, 항체 IMPI-020의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-020의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2269] B53. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-032의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-032의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2270] B54. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-023의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-023의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2271] B55. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-039의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-039의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2272] B56. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-001의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-001의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2273] B57. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-019의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-019의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2274] B58. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-010의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-010의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2275] B59. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-008의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-008의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2276] B60. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-031의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-031의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2277] B61. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-057의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-057의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2278] B62. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-022의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-022의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2279] B63. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-035의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-035의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2280] B64. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-067의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-067의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2281] B65. 항목 B46에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-072의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2282] B66. 항목 B1 내지 B4 중 어느 하나에 있어서,

[2283] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020,

IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2284] 단 항체는 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2285] B67. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-030의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-030의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-030의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2286] B68. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-053의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-053의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-053의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2287] B69. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-025의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-025의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-025의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2288] B70. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-040의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-040의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-040의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2289] B71. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-007의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-007의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-007의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2290] B72. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-020의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-020의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-020의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2291] B73. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-032의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-032의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-032의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2292] B74. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-023의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-023의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-023의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2293] B75. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-039의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-039의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-039의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2294] B76. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-001의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-001의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-001의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2295] B77. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-019의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-019의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-019의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2296] B78. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-010의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-010의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-010의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2297] B79. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-008의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-008의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-008의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2298] B80. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-031의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-031의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-031의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2299] B81. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-057의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-057의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-057의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2300] B82. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-022의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-022의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-022의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2301] B83. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-035의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-035의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-035의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2302] B84. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-067의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-067의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-067의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2303] B85. 항목 B66에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-072의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-072의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-072의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2304] B86. 항목 B1 내지 B4 중 어느 하나에 있어서,

[2305] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2306] B87. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2307] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067 또는 IMPI-072의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2308] B88. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-030의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-030의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2309] B89. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-053의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-053의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2310] B90. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-025의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-025의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2311] B91. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-040의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-040의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2312] B92. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-007의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-007의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2313] B93. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-020의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-020의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2314] B94. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-032의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-032의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2315] B95. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-023의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-023의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2316] B96. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-039의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-039의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2317] B97. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-001의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-001의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2318] B98. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-019의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-019의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2319] B99. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-010의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-010의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2320] B100. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-008의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-008의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2321] B101. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-031의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-031의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2322] B102. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-057의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-057의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2323] B103. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-022의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-022의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2324] B104. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-035의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-035의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2325] B105. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-067의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-067의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2326] B106. 항목 B86 또는 B87에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-072의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-072의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2327] B107. 항목 B1 내지 B4 중 어느 하나에 있어서, 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함하는 항체.

[2328] B108. 항목 B1 내지 B4 및 B107 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2329] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2330] V 유전자 절편은 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18이고/거나;

[2331] J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는

[2332] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2333] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[2334] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[2335] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[2336] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[2337] B109. 항목 B1 내지 B4, B107 및 B108 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2338] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[2339] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV4-4*02, IGHV3-9*01 또는 IGHV3-30*18과 정렬된다.

[2340] B110. 항목 B1 내지 B4 및 B107 내지 B109 중 어느 하나에 있어서, J 유전자 절편이 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4가 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬되는 것인 항체.

[2341] B111. 항목 B1 내지 B4 및 B107 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VL 도메인을 포함하는 항체:

[2342] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2343] V 유전자 절편은 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01이고/거나,

[2344] J 유전자 절편은 IGKJ4*01이거나, 또는

[2345] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2346] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2347] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2348] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2349] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ4*01과 정렬된다.

[2350] B112. 항목 B1 내지 B4 및 B107 중 어느 하나에 있어서, 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서 하기인 항체:

[2351] V 유전자 절편은 IGKV2D-30*01, IGKV1D-13*d01 또는 IGKV3-20*01이고, 임의로

[2352] J 유전자 절편은 IGKJ4*01이다.

[2353] C1. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 중화 항체.

[2354] C2. 항목 C1에 있어서,

[2355] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2356] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 HCDR3인 항체.

[2357] C3. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-003의 HCDR3인 항체.

[2358] C4. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-013의 HCDR3인 항체.

[2359] C5. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-063의 HCDR3인 항체.

[2360] C6. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-061의 HCDR3인 항체.

[2361] C7. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-062의 HCDR3인 항체.

[2362] C8. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-064의 HCDR3인 항체.

[2363] C9. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-065의 HCDR3인 항체.

[2364] C10. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-066의 HCDR3인 항체.

[2365] C11. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-069의 HCDR3인 항체.

[2366] C12. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-070의 HCDR3인 항체.

[2367] C13. 항목 C2에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-071의 HCDR3인 항체.

[2368] C14. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2369] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2370] 여기서 CDR은 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 것인 항체.

[2371] C15. 항목 C1에 있어서,

[2372] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2373] 여기서 CDR은 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 것인 항체.

[2374] C16. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-003의 CDR을 갖는 항체.

[2375] C17. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-013의 CDR을 갖는 항체.

[2376] C18. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-063의 CDR을 갖는 항체.

[2377] C19. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-061의 CDR을 갖는 항체.

[2378] C20. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-062의 CDR을 갖는 항체.

[2379] C21. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-064의 CDR을 갖는 항체.

[2380] C22. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-065의 CDR을 갖는 항체.

[2381] C23. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-066의 CDR을 갖는 항체.

[2382] C24. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-069의 CDR을 갖는 항체.

[2383] C25. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-070의 CDR을 갖는 항체.

[2384] C26. 항목 C14 또는 항목 C15에 있어서, 항체 IMPI-071의 CDR을 갖는 항체.

[2385] C27. 항목 C1에 있어서,

[2386] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2387] C28. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-003의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-003의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2388] C29. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-013의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-013의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2389] C30. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-063의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-063의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2390] C31. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-061의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-061의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2391] C32. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-062의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-062의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2392] C33. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-064의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-064의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2393] C34. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-065의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-065의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2394] C35. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-066의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-066의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2395] C36. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-069의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-069의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2396] C37. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-070의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-070의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2397] C38. 항목 C27에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-071의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2398] C39. 항목 C1에 있어서,

[2399] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2400] 단 항체는 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2401] C40. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-003의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-003의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-003의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2402] C41. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-013의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-013의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-013의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2403] C42. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-063의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-063의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-063의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2404] C43. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-061의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-061의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-061의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2405] C44. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-062의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-062의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-062의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2406] C45. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-064의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90%

동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-064의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-064의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2407] C46. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-065의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-065의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-065의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2408] C47. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-066의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-066의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-066의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2409] C48. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-069의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-069의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-069의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2410] C49. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-070의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-070의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-070의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2411] C50. 항목 C39에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-071의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-071의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-071의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2412] C51. 항목 C1에 있어서,

[2413] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2414] C52. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2415] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070 또는 IMPI-071의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2416] C53. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-003의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-003의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2417] C54. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-013의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-013의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2418] C55. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-063의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-063의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2419] C56. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-061의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-061의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2420] C57. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-062의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-062의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2421] C58. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-064의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-064의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2422] C59. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-065의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-065의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2423] C60. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-066의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-066의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2424] C61. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-069의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-069의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2425] C62. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-070의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-070의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2426] C63. 항목 C51 또는 C52에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-071의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-071의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2427] C64. 항목 C1에 있어서, 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함하는 항체.

[2428] C65. 항목 C1 또는 C64에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2429] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2430] V 유전자 절편은 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01이고/거나;

[2431] J 유전자 절편은 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02이거나, 또는

[2432] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2433] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나,

[2434] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나,

[2435] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬되고/거나,

[2436] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02와 정렬된다.

[2437] C66. 항목 C1, C64 및 C65 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2438] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[2439] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV3-9*01 또는 IGHV3-20*d01과 정렬된다.

[2440] C67. 항목 C1 및 C61 내지 C66 중 어느 하나에 있어서, J 유전자 절편이 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4가 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ6*02 또는 IGHJ4*02와 정렬되는 것인 항체.

[2441] C68. 항목 C1 또는 C64에 있어서, 하기인 항체 VL 도메인을 포함하는 항체:

[2442] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2443] V 유전자 절편은 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01이고/거나,

[2444] J 유전자 절편은 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04이거나; 또는

[2445] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2446] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2447] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01과 정렬되고/거나,

[2448] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-

20*01과 정렬되고/거나,

[2449] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04와 정렬된다.

[2450] C69. 항목 C1 또는 C64에 있어서, 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서 하기인 항체:

[2451] V 유전자 절편은 IGKV1-6*01 또는 IGKV3-20*01이고, 임의로

[2452] J 유전자 절편은 IGKJ1*01 또는 IGKJ2*04이다.

[2453] D1. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하는 항체로서, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체.

[2454] D2. 항목 D1에 있어서, 중화 항체인 항체.

[2455] D3. 항목 D1 또는 항목 D2에 있어서, SARS-CoV-2와 인간 ACE2 수용체 사이의 결합을 증가시키는 항체.

[2456] D4. 항목 D1 내지 D3 중 어느 하나에 있어서,

[2457] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2458] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 HCDR3인 항체.

[2459] D5. 항목 D2에 있어서,

[2460] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2461] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 HCDR3인 항체.

[2462] D6. 항목 D3에 있어서,

[2463] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2464] 여기서 HCDR3은 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 HCDR3인 항체.

[2465] D7. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-026의 HCDR3인 항체.

[2466] D8. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-034의 HCDR3인 항체.

[2467] D9. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-016의 HCDR3인 항체.

[2468] D10. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-050의 HCDR3인 항체.

[2469] D11. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-049의 HCDR3인 항체.

[2470] D12. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-015의 HCDR3인 항체.

[2471] D13. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-009의 HCDR3인 항체.

[2472] D14. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-011의 HCDR3인 항체.

[2473] D15. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-044의 HCDR3인 항체.

[2474] D16. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-046의 HCDR3인 항체.

[2475] D17. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-051의 HCDR3인 항체.

[2476] D18. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-024의 HCDR3인 항체.

[2477] D19. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-058의 HCDR3인 항체.

[2478] D20. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-043의 HCDR3인 항체.

[2479] D21. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-045의 HCDR3인 항체.

[2480] D22. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-027의 HCDR3인 항체.

[2481] D23. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-018의 HCDR3인 항체.

[2482] D24. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-048의 HCDR3인 항체.

[2483] D25. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-033의 HCDR3인 항체.

[2484] D26. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-014의 HCDR3인 항체.

[2485] D27. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-038의 HCDR3인 항체.

[2486] D28. 항목 D4에 있어서, HCDR3이 항체 IMPI-068의 HCDR3인 항체.

[2487] D29. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2488] 여기서 항체는 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2489] 여기서 CDR은 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것인 항체.

[2490] D30. 항목 D1 내지 D3 중 어느 하나에 있어서,

[2491] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2492] 여기서 CDR은 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것인 항체.

[2493] D31. 항목 D2에 있어서,

[2494] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2495] 여기서 CDR은 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것인 항체.

[2496] D32. 항목 D3에 있어서,

[2497] 항체가 상보성 결정 영역 (CDR) HCDR1, HCDR2 및 HCDR3을 포함하는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 상보성 결정 영역 LCDR1, LCDR2 및 LCDR3을 포함하는 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고,

[2498] 여기서 CDR은 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 것인 항체.

[2499] D33. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-026의 CDR을 갖는 항체.

[2500] D34. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-034의 CDR을 갖는 항체.

[2501] D35. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-016의 CDR을 갖는 항체.

[2502] D36. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-050의 CDR을 갖는 항체.

[2503] D37. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-049의 CDR을 갖는 항체.

[2504] D38. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-015의 CDR을 갖는 항체.

[2505] D39. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-009의 CDR을 갖는 항체.

[2506] D40. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-011의 CDR을 갖는 항체.

[2507] D41. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-044의 CDR을 갖는 항체.

[2508] D42. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-046의 CDR을 갖는 항체.

[2509] D43. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-051의 CDR을 갖는 항체.

[2510] D44. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-024의 CDR을 갖는 항체.

[2511] D45. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-058의 CDR을 갖는 항체.

[2512] D46. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-043의 CDR을 갖는 항체.

[2513] D47. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-045의 CDR을 갖는 항체.

[2514] D48. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-027의 CDR을 갖는 항체.

[2515] D49. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-018의 CDR을 갖는 항체.

[2516] D50. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-048의 CDR을 갖는 항체.

[2517] D51. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-033의 CDR을 갖는 항체.

[2518] D52. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-014의 CDR을 갖는 항체.

[2519] D53. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-038의 CDR을 갖는 항체.

[2520] D54. 항목 D29 또는 항목 D30에 있어서, 항체 IMPI-068의 CDR을 갖는 항체.

[2521] D55. 항목 D1 내지 D3 중 어느 하나에 있어서,

[2522] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2523] D56. 항목 D2에 있어서,

[2524] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2525] D57. 항목 D3에 있어서,

[2526] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각, 임의로 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경 및 임의로 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열 내 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2527] D58. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-026의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-026의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2528] D59. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-034의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-034의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2529] D60. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-016의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-016의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2530] D61. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-050의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-050의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2531] D62. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-049의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-049의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2532] D63. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-015의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-015의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2533] D64. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-009의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-009의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2534] D65. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-011의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-011의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2535] D66. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-044의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-044의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2536] D67. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-046의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-046의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2537] D68. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-051의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-051의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2538] D69. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-024의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2539] D70. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-058의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-058의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2540] D71. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-043의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-043의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2541] D72. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-045의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-045의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2542] D73. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-027의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2543] D74. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-018의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-018의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2544] D75. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-048의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또

는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-048의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2545] D76. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-033의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-033의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2546] D77. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-014의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-014의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2547] D78. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-038의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-038의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2548] D79. 항목 D55에 있어서, 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열, 및 임의로 상보성 결정 영역 (CDR) 외부에 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는, 항체 IMPI-068의 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 항체.

[2549] D80. 항목 D1 내지 D3 중 어느 하나에 있어서,

[2550] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2551] 단 항체는 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2552] D81. 항목 D2에 있어서,

[2553] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2554] D82. 항목 D3에 있어서,

[2555] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며,

[2556] 단 항체는 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2557] D83. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-026의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-026의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-026의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2558] D84. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-034의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-034의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-034의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2559] D85. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-016의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-016의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-016의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2560] D86. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-050의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-050의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-050의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2561] D87. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-049의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-049의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-049의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2562] D88. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-015의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-015의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-015의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2563] D89. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-009의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-009의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-009의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2564] D90. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-011의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-011의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-011의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2565] D91. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-044의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-044의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-044의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2566] D92. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-046의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-046의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-046의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2567] D93. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-051의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-051의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-051의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2568] D94. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-024의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-024의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-024의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2569] D95. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-058의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-058의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-058의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2570] D96. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-043의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-043의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-043의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2571] D97. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-045의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-045의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-045의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2572] D98. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-027의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-027의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-027의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2573] D99. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-018의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-018의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-018의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2574] D100. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-048의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-048의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-048의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2575] D101. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-033의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-033의 VL 도메인 서열에 대해 적어도

90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-033의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2576] D102. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-014의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-014의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-014의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2577] D103. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-038의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-038의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-038의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2578] D104. 항목 D80에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-068의 VH 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-068의 VL 도메인 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 단 항체는 항체 IMPI-068의 CDR을 갖는 것인 항체.

[2579] D105. 항목 D1 내지 D3 중 어느 하나에 있어서,

[2580] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2581] D106. 항목 D2에 있어서,

[2582] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-024, IMPI-027, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2583] D107. 항목 D3에 있어서,

[2584] 항체가 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2585] D108. 항-SARS-CoV-2 항체로서,

[2586] 여기서 항체는 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하고, 여기서 가변 중쇄 (VH) 도메인 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열은 각각 항체 IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-038 또는 IMPI-068의 가변 중쇄 (VH) 및 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2587] D109. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-026의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-026의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2588] D110. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-034의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-034의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2589] D111. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-016의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-016의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2590] D112. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-050의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-050의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2591] D113. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-049의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-049의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2592] D114. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-015의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-015의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2593] D115. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-009의 VH 도메인 서열을 포함

하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-009의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2594] D116. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-011의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-011의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2595] D117. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-044의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-044의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2596] D118. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-046의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-046의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2597] D119. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-051의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-051의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2598] D120. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-024의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-024의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2599] D121. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-058의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-058의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2600] D122. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-043의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-043의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2601] D123. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-045의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-045의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2602] D124. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-027의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-027의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2603] D125. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-018의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-018의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2604] D126. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-048의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-048의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2605] D127. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-033의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-033의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2606] D128. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-014의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-014의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2607] D129. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-038의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-038의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2608] D130. 항목 D105 또는 D108에 있어서, 가변 중쇄 (VH) 도메인 서열이 항체 IMPI-068의 VH 도메인 서열을 포함하고, 가변 경쇄 (VL) 도메인 서열이 항체 IMPI-068의 VL 도메인 서열을 포함하는 것인 항체.

[2609] D131. 항목 D1 내지 D3 중 어느 하나에 있어서, 인간 배선 유전자 절편 서열의 VH 및/또는 VL 도메인 프레임워크 영역을 포함하는 항체.

[2610] D132. 항목 D1 내지 D3 및 D131 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2611] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2612] V 유전자 절편은 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18이고/거나;

[2613] J 유전자 절편은 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는

[2614] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2615] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[2616] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[2617] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬되고/거나,

[2618] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬된다.

[2619] D133. 항목 D1 내지 D3, D131 및 D132 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VH 도메인을 포함하는 항체:

[2620] i) 인간 중쇄 V 유전자 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18, 인간 중쇄 D 유전자 절편 및 인간 중쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되거나, 또는

[2621] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서 FR1, FR2 및 FR3은 각각 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 절편 IGHV5-51*01, IGHV4-31*03 또는 IGHV3-30*18과 정렬된다.

[2622] D134. 항목 D1 내지 D3 및 D131 내지 D133 중 어느 하나에 있어서, J 유전자 절편이 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02이거나, 또는 VH 도메인 프레임워크 영역 FR4가 1, 2, 3, 4 또는 5개의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGHJ4*02 또는 IGHJ6*02와 정렬되는 것인 항체.

[2623] D135. 항목 D1 내지 D3 및 D131 중 어느 하나에 있어서, 하기인 항체 VL 도메인을 포함하는 항체:

[2624] i) 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래되고, 여기서

[2625] V 유전자 절편은 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01이고/거나,

[2626] J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01이거나; 또는

[2627] ii) 프레임워크 영역 FR1, FR2, FR3 및 FR4를 포함하고, 여기서

[2628] FR1은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나,

[2629] FR2는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나,

[2630] FR3은 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 V 유전자 절편 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01과 정렬되고/거나,

[2631] FR4는 1, 2, 3, 4 또는 5개 이하의 아미노산 변경을 갖는 인간 배선 J 유전자 절편 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01과 정렬된다.

[2632] D136. 항목 D1 내지 D3 및 D131 중 어느 하나에 있어서, 인간 경쇄 V 유전자 절편 및 인간 경쇄 J 유전자 절편의 재조합으로부터 유래된 항체 VL 도메인을 포함하며, 여기서 하기인 항체:

[2633] V 유전자 절편은 IGKV1D-13*d01 또는 IGKV1-12*01이고, 임의로

[2634] J 유전자 절편은 IGKJ1*01, IGKJ4*01 또는 IGKJ3*01이다.

[2635] E1. 항목 A1 내지 A109, B1 내지 B106, C1 내지 C63 및 D1 내지 D130 중 어느 하나에 있어서, 인간 IgG1인 항체.

[2636] E2. 항목 E1에 있어서, 서열식별번호: 418의 불변 영역 서열을 포함하는 인간 IgG1인 항체.

[2637] E3. 항목 A1 내지 A109, B1 내지 B106, C1 내지 C63 및 D1 내지 D130 중 어느 하나에 있어서, 인간 IgG4인 항체.

[2638] E4. 항목 E3에 있어서, 서열식별번호: 436의 불변 영역 서열을 포함하는 인간 IgG4인 항체.

[2639] E5. 항목 A1 내지 A109, B1 내지 B106, C1 내지 C63, D1 내지 D130 및 E1 내지 E6 중 어느 하나에 있어서, 항체가 카파 (κ) 경쇄 불변 영역을 포함하고, 바람직하게는 여기서 카파 (κ) 경쇄 불변 영역 서열은 서열식별번호: 448인 항체.

[2640] E6. 어느 이전 항목에 정의된 바와 같은 항체의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함하는 핵

산.

[2641] E7. 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067, IMPI-072, IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071; IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-028, IMPI-038 또는 IMPI-068의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함하는 핵산.

[2642] E8. 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067, IMPI-072, IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071; IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-028, IMPI-038 또는 IMPI-068의 VH 도메인을 코딩하는 서열을 포함하는 핵산.

[2643] E9. 항체 IMPI-029, IMPI-056, IMPI-005, IMPI-012, IMPI-052, IMPI-002, IMPI-041, IMPI-036, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-042, IMPI-021, IMPI-004, IMPI-047, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-030, IMPI-053, IMPI-025, IMPI-040, IMPI-007, IMPI-020, IMPI-032, IMPI-023, IMPI-039, IMPI-001, IMPI-019, IMPI-010, IMPI-008, IMPI-031, IMPI-057, IMPI-022, IMPI-035, IMPI-067, IMPI-072, IMPI-003, IMPI-013, IMPI-063, IMPI-061, IMPI-062, IMPI-064, IMPI-065, IMPI-066, IMPI-069, IMPI-070, IMPI-071; IMPI-026, IMPI-034, IMPI-016, IMPI-050, IMPI-049, IMPI-015, IMPI-009, IMPI-011, IMPI-044, IMPI-046, IMPI-051, IMPI-024, IMPI-058, IMPI-043, IMPI-045, IMPI-027, IMPI-018, IMPI-048, IMPI-033, IMPI-014, IMPI-028, IMPI-038 또는 IMPI-068의 VL 도메인을 코딩하는 서열을 포함하는 핵산.

[2644] E10. 항목 E6 내지 E9 중 어느 하나의 핵산을 포함하는 벡터로서; 임의로 CHO 벡터인 벡터.

[2645] E11. 항목 E6 내지 E9 중 어느 하나의 핵산 또는 항목 E10의 벡터를 포함하는 숙주 세포.

[2646] E12. 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체 및 제약상 허용되는 부형제를 포함하는 제약 조성물.

[2647] E13. 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체를 코딩하는 단리된 핵산 또는 항목 E8 내지 E11 중 어느 하나의 단리된 핵산 및 제약상 허용되는 부형제를 포함하는 제약 조성물.

[2648] E14. 항목 E12 또는 E13에 있어서, 정맥내, 근육내 또는 피하 투여를 위해 제제화된 제약 조성물.

[2649] E15. 항목 E12 내지 E14 중 어느 하나에 있어서, 적어도 1종의 추가의 치료제를 추가로 포함하는 제약 조성물.

[2650] E16. 항목 E15에 있어서, 추가의 치료제가 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체인 제약 조성물.

[2651] E17. 항목 E16에 있어서, 적어도 1종의 추가의 항체가 하기로부터 선택된 것인 제약 조성물:

[2652] a. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[2653] b. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[2654] c. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[2655] d. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[2656] e. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의

SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[2657] E18. 항목 E12 내지 E17 중 어느 하나의 제약 조성물을 포함하는 키트.

[2658] E19. 항목 E12 내지 E14 중 어느 하나의 제약 조성물을 포함하는 키트.

[2659] E20. 항목 E19에 있어서, 적어도 1종의 추가의 치료제를 추가로 포함하는 키트.

[2660] E21. 항목 E20에 있어서, 추가의 치료제가 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체를 포함하는 추가의 제약 조성물인 키트.

[2661] E22. 항목 E21에 있어서, 적어도 1종의 추가의 항체가 하기로부터 선택된 것인 키트:

[2662] a. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[2663] b. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[2664] c. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[2665] d. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[2666] e. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[2667] E23. 항목 E18 및 E22 중 어느 하나에 있어서, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19를 치료 및/또는 예방하기 위한 사용에 대한 라벨 또는 지침서를 추가로 포함하고; 임의로 여기서 라벨 또는 지침서는 시판 허가 번호 (예를 들어, FDA 또는 EMA 허가 번호)를 포함하고; 임의로 여기서 키트는 항체 또는 단편을 포함하는 IV 또는 주사 장치를 포함하는 것인 키트.

[2668] E24. 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136, E1 내지 E5 및 E12 내지 E19 중 어느 하나에 있어서, 의약으로서 사용하기 위한 항체 또는 조성물.

[2669] E25. 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136, E1 내지 E5 및 E12 내지 E19 중 어느 하나에 있어서, 환자에게 항체 또는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 항체 또는 조성물.

[2670] E26. 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136, E1 내지 E5 및 E12 내지 E19 중 어느 하나에 있어서, 환자에게 항체 또는 조성물을 투여하는 것을 포함하는, SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위한 항체 또는 조성물.

[2671] E27. SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법에 사용하기 위한 의약의 제조에서의 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체 또는 항목 E12 내지 E19 중 어느 하나에 따른 조성물의 용도.

[2672] E28. SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법에 사용하기 위한 의약의 제조에서의 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체 또는 항목 E12 내지 E19 중 어느 하나에 따른 조성물의 용도.

[2673] E29. 인간에게 치료 유효량의 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체 또는 항목 E12 내지 E19 중 어느 하나에 따른 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 치료하는 방법.

[2674] E30. 인간에게 치료 유효량의 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체 또는 항목 E12 내지 E19 중 어느 하나에 따른 조성물을 투여하는 것을 포함하는, 인간에서 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태를 예방하는 방법.

[2675] E31. 항목 E25 내지 E30 중 어느 하나에 있어서,

[2676] SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태가 COVID-19인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

[2677] E32. 항목 E25 내지 E32 중 어느 하나에 있어서,

[2678] 상기 방법이 적어도 1종의 추가의 치료제를 투여하는 것을 추가로 포함하는 것인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

[2679] E33. 항목 E25 내지 E32 중 어느 하나에 있어서,

[2680] 추가의 치료제의 투여가 동시, 개별 또는 순차적인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

[2681] E34. 항목 E25 내지 E33 중 어느 하나에 있어서,

[2682] 추가의 치료제가 적어도 1종, 바람직하게는 1 또는 2종의 추가의 항체인 항체, 조성물, 용도 또는 방법.

[2683] E35. 항목 E25 내지 E34 또는 중 어느 하나에 있어서,

[2684] 적어도 1종의 추가의 항체가 하기로부터 선택된 것인 항체, 조성물, 용도 또는 방법:

[2685] a. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하는 항체;

[2686] b. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 수용체 결합 도메인 (RBD)에 특이적으로 결합하고, SARS-CoV-2 스파이크 단백질에의 결합에 대해 인간 ACE2 수용체와 경쟁하지 않는 항체;

[2687] c. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 N-말단 도메인 (NTD)에 특이적으로 결합하는 항체;

[2688] d. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 S2 서브유닛에 특이적으로 결합하는 항체; 및

[2689] e. SARS-CoV-2 스파이크 단백질의 단리된 RBD 도메인, S1 서브유닛 및 S2 서브유닛에 비해 삼량체 형태의 SARS-CoV-2 스파이크 단백질에 우선적으로 결합하는 항체.

[2690] E36. 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재 또는 부재를 결정하기 위한 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체의 용도.

[2691] E37. 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재 또는 부재를 결정하는 방법으로서,

[2692] 샘플을 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체와 접촉시키는 단계; 및

[2693] 샘플 내 항체와 SARS-CoV-2 사이의 결합을 시험하는 단계

[2694] 를 포함하며, 여기서 결합의 검출은 샘플 내 SARS-CoV-2의 존재를 나타내고, 여기서 결합의 부재는 샘플 내 SARS-CoV-2의 부재를 나타내는 것인 방법.

[2695] E38. 항목 E36 또는 항목 E37에 있어서, 항체가 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 것인 용도 또는 방법.

[2696] E39. 항목 E36 내지 항목 E38 중 어느 하나에 있어서, 샘플이 SARS-CoV-2로 감염되었거나 또는 감염된 것으로 의심되고/거나 SARS-CoV-2-관련 질환 또는 상태, 예컨대 COVID-19의 1종 이상의 증상을 나타내는 인간으로부터 수득된 것인 용도 또는 방법.

[2697] E40. 항목 E36 내지 E40 중 어느 하나에 있어서, 샘플이 혈청, 혈장 또는 전혈 샘플, 또는 경구 또는 비강 스왑, 소변, 대변 또는 뇌척수액 (CFS)이거나, 또는 샘플이 임의의 의심되는 SARS-CoV-2 감염된 기관 또는 조직으로부터의 것인 용도 또는 방법.

[2698] E41. 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체 및 임의로 1종 이상의 완충 용액을 포함하는, 항목 E36 및 E38 내지 E40 중 어느 하나에 제시된 바와 같은 용도 또는 항목 E37 내지 E40 중 어느 하나에 제시된 바와 같은 방법을 위한 진단 키트.

[2699] E42. 항목 E41에 있어서, 항체가 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 것인 진단 키트.

[2700] E43. 항목 E42에 있어서, 하기를 포함하는 진단 키트:

[2701] 항목 A1 내지 A115, B1 내지 B112, C1 내지 C69, D1 내지 D136 및 E1 내지 E5 중 어느 하나에 따른 항체를 포함하는 제1 시약, 및

[2702] 제1 시약에 결합하는 검출기 분자를 포함하는 제2 시약.

[2703] E44. 항목 E43에 있어서, 검출기 분자가 검출가능한 표지를 포함하거나 또는 이에 접합된 항체인 진단 키트.

[2704] 실시예

[2705] 본원에서 본 발명자들은 COVID19 질환을 치료하는 데 사용하기에 적합한 SARS-CoV-2의 스파이크 단백질에 결합하는 항체를 기재한다. 트랜스제닉 마우스를 면역화하여 완전 인간 항체를 생성하고 일련의 생물학적 관련 검정에서 매우 다양한 항체를 시험하는 것을 통해, 본 발명자들은 SARS-CoV-2의 표적 세포 내로의 진입을 중화시키는 스파이크-결합 모노클로날 항체를 수득할 수 있었다. 이들 항체는 S1 (예를 들어, RBD) 및/또는 S2를 포함한, 스파이크 단백질 상의 다수의 도메인을 표적화하고, 단독으로 또는 조합되어 SARS-CoV-2에 대한 치료제 또는 예방제로서 (예를 들어, 인간 환자에 대한 투여를 위한 것) 또는 SARS-CoV-2를 검출하기 위한 진단제로서 (예를 들어, 시험관내 진단 시험 검정 및 키트에서) 사용될 수 있다.

[2706] 실시예 1. SARS-CoV-2 스파이크 항원 및 항-스파이크 항체의 생성

[2707] 인간 항체를 생산하는 키맙 다르윈(Kymab Darwin) 트랜스제닉 마우스를 다양한 면역화 요법 및 면역원성 포맷의 SARS-CoV-2 스파이크로 면역화하고, 항원-특이적 B 세포를 면역화된 마우스로부터 선택하였다. 비장, 림프절 및 골수 샘플로부터의 단일 B 세포를 형질 세포 분류 및 항원 특이적 프로브의 조합을 사용하여 분류하였다. 면역원성 포맷은 (i) 전장 스파이크 단백질 (도 2b에 도시된 바와 같은 서열)을 코딩하는 핵산 및/또는 (ii) C-말단 T4 피브리틴 (폴드온) 삼량체화 모티프를 포함하는 가용성 삼량체 스파이크 세포외 도메인 단백질 (ECD)을 포함하였다 (Meier et al., J Mol Biol. 2004 Dec 3;344(4):1051-69). 이러한 가용성 버전은 융합전 서열의 글루타민 Q1208에서 종결되고, 이어서 GGGGSGGGGS 링커, T4 피브리틴 (폴드온) 삼량체화 모티프, 추가의 GGGGSGGGGS 링커, Myc 태그, GSGSGS 링커 및 최종적으로 가용성 재조합 단백질의 정제를 가능하게 하는 8xHIS 태그가 이어진다. 사용된 분류 프로브는 C-말단 T4 피브리틴 (폴드온) 삼량체화 모티프를 포함하는 가용성 삼량체 스파이크 세포외 도메인 단백질, 가용성 스파이크 수용체 결합 도메인 (RBD) 단백질 (단량체) 및 전장 스파이크 단백질을 코딩하는 DNA로 형질감염된 숙주 세포로부터 생성된, 녹색 형광 단백질 (GFP) 바이러스 유사 입자 (VLP) 상에 제시된 전장 삼량체 스파이크 단백질이었다. 스파이크 단백질을 코딩하는 모든 구축물은 도 2b에 도시된 이중 프롤린 안정화 돌연변이를 함유하였다.

[2708] 제1 연구에서, 면역화된 마우스로부터의 B 세포 분류 후에 8,219개의 B-세포를 회수하였다. 이들 B-세포 중 224개로부터, 완전 항체 중쇄 및 경쇄 코딩 핵산을 회수하고, 스크리닝에 사용하기 위해 포유동물 숙주 세포에서 완전 인간 IgG1 항체로서 발현시켰다.

[2709] 제2 연구에서, 면역화된 마우스로부터의 B 세포 분류 후에 2,183개의 B 세포를 회수하고, 이들 B-세포 중 268개로부터, 완전 항체 중쇄 및 경쇄 코딩 핵산을 회수하고, 스크리닝에 사용하기 위해 포유동물 숙주 세포에서 완전 인간 IgG1 항체로서 발현시켰다.

[2710] 스크리닝에 사용된 모든 항체는 완전 인간 IgG1 카파로서 발현되었다.

[2711] 항원/면역원 제조

[2712] 마우스 면역화 및 B 세포의 분류에 사용하기 위한 정제된 단백질을 생성하기 위해, 안정화 이중 프롤린 (PP) 돌연변이 (K968 및 V969)를 함유하는 삼량체 스파이크 단백질의 ECD를 코딩하는 DNA 서열을 생성하였다. 코딩 서열을 C-말단 His 태그 및 N-말단 리더 서열과 융합시키고, 포유동물 발현을 위해 코돈 최적화하고, CHO 세포에서 발현시켰다. 면역화를 위한 ECD는 또한 상기 언급된 바와 같은 삼량체화 모티프를 포함하였다. 단백질을 HisTrap HP 칼럼 및 HiPrep 16/60 세파크릴 S-300 HR 크기 배제 크로마토그래피 (SEC) 칼럼 (둘 다 지이 헬스케어(GE Healthcare)로부터)에 의해 순차적으로 정제하였다. 정제된 단백질을 먼저 네이티브-PAGE 및 웨스턴 블롯에 의해 분석한 다음, 0.22㎛ 막을 통해 여과하고, 분취하고, -80℃에서 저장하였다.

[2713] SARS-CoV-2 전장 삼량체 스파이크 단백질을 발현하는 안정한 세포주를 생성하여 B 세포를 분류하기 위한 바이러스 유사 입자를 생성하였다. 이중 프롤린 안정화 돌연변이 (K968 및 V969)를 함유하는 삼량체 스파이크 단백질을 코딩하는 전장 DNA 서열을, 세포 게놈 내로의 안정한 통합을 용이하게 하는 3' 및 5' 피기백 특이적 말단 반복 서열이 플랭킹된 CMV 프로모터의 제어 하의 발현 벡터 내로 클로닝하였다. 발현 벡터는 안정한 세포주 생성을 용이하게 하는 퓨로마이신 선택 카세트를 함유하였다. 구축물을 HEK293 세포주 내로 형질감염시키고, 퓨로마이신 선택 하에 2주 동안 배양하고, 항-스파이크 모노클로날 항체 (워싱턴 대학교(University of Washington)의 네일 킹(Neil King)으로부터 입수한 교차-반응성 항-RBD SARS-CoV-1 항체 CR3022 및 시노 바이올로지칼스(Sino Biologicals)로부터 입수한 항-RBD SARS-CoV-2 항체 40150-D001)를 사용하여 항원 표면 발현에 대해 검

사하기 위해 유동 세포측정법을 사용함으로써 스파이크 세포 표면 발현을 검증하였다. PP 안정화된 삼량체 스파이크와 레트로바이러스 군 항원 (gag) 단백질을 안정하게 공동-발현하는 HEK293 세포로부터 VLP를 생성하고, 특이적 B 세포를 분류하는 데 사용하였다.

[2714] 실시예 2. HTRF에 의한 항체 결합

[2715] 회수된 항체의 정제된 스파이크 단백질에 대한 결합을 확립하기 위한 1차 스크리닝에 균질 시간 분해 FRET (HTRF) 검정을 사용하였다. 모든 항체를 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3), S1 서브유닛 (시노 바이올로지칼스 40591-V08H), S2 서브유닛 (시노 바이올로지칼스 40590-V08B) 및 안정화된 가용성 스파이크 삼량체 단백질 ECD (조작된 삼량체화 모티프 포함) (참조를 위해 도 2b에서의 도메인 참조)에의 결합에 대해 1 - 2 μg/mL에서 초기 단일 포인트 검정으로 스크리닝하였다. 1차 스크리닝 결과의 요약이 표 E2-1에 제시된다.

[2716] 실시예 1로부터의 492개의 선택된 항체를 4개의 배치에서 스크리닝하였으며, 263개가 이 초기 HTRF 스크리닝을 통과하였다. HTRF 1차 스크린을 통과하기 위한 기준은 항체가 표 E2-1에 제시된 ΔF 값으로 가용성 스파이크 삼량체, S2, S1 또는 RBD에 결합하는 것이었다.

[2717]

	스크리닝 배치 1: 151개 클론			**스크리닝 배치 4: 83개 클론**				
검정	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수
삼량체	델타 F > 180	58	델타 F > 50	71	델타 F > 60	62	델타 F > 50	64
S2	델타 F > 45	30	델타 F > 30	33	델타 F > 70	25	델타 F > 40	39
S1	델타 F > 72	23	델타 F > 10	23	델타 F > 15	4	델타 F > 10	10
RBD	델타 F > 20	20	델타 F > 40	19	델타 F > 30	2	델타 F > 10	6

[2718] 표 E2-1: 배치 1, 2, 3 및 4로부터의 스크리닝. RBD, S1, S2 및 스파이크 삼량체 단백질에의 결합에 대한 1차 스크리닝 선택 기준을 충족하는 클론의 수의 요약. 표는 스크리닝된 항체의 수, 양성 히트의 수 및 연관된 컷-오프 값을 상술한다.

[2719] 이들 데이터에 기초하여, 본 발명자들은 스파이크 삼량체 결합에 대한 HTRF 결합 기준을 충족하고 임의로 또한 S1, S2 또는 RBD에 대한 HTRF 결합 기준을 충족하는 클론을 선택하였다. 255개의 상기 클론을 선택하였다. HTRF 검정에서 S1 및 S2 둘 다에 대해 양성인 (기준을 통과한) 항체는 검출되지 않았다. 도 4는 삼량체, S1, RBD 및/또는 S2에 결합하는 항체의 수를 요약한다.

[2720] 이들 항체 클론의 선택에 대한 결합 데이터 (델타F로서 제시됨)가 표 E2-2에 제시된다.

클론	삼량체 결합	RBD 결합	S1 결합	S2 결합
IMPI-004	952.1	1169.9	1749.3	19.2
IMPI-029	1704.1	1175.7	3053.1	4.1
IMPI-056	1627.1	1262.7	2996.8	2.1
IMPI-047	1414.2	899.2	2254.6	4.3
IMPI-005	1361.0	608.5	1507.4	-1.8
IMPI-006	1061.4	330.6	885.1	40.7
IMPI-055	550.8	983.3	1031.2	-10.3
IMPI-054	563.4	818.2	772.5	15.8
IMPI-017	549.6	894.4	752.5	13.0
IMPI-059	403.0	882.3	568.8	-2.7
IMPI-037	556.6	468.1	625.9	-2.0
IMPI-060	488.3	217.1	377.6	6.0
IMPI-013	1420.4	-10.9	-2.8	684.2
IMPI-028	480.1	108.0	253.7	1.3
IMPI-027	800.4	318.1	755.2	7.5
IMPI-033	884.5	454.2	929.3	-3.6
IMPI-021	961.8	596.6	1279.2	-0.3
IMPI-032	217.7	4.0	-8.9	-8.0
IMPI-038	1307.9	544.4	1443.8	-4.3
IMPI-022	483.0	-2.4	-5.8	-9.7
IMPI-024	1461.1	225.3	799.4	-15.4
IMPI-002	912.7	172.1	541.0	-5.8
IMPI-052	1134.4	228.8	732.2	-15.9
IMPI-042	925.8	121.4	616.7	1.6
IMPI-063	968.5	-7.3	-0.4	410.6
IMPI-067	962.8	-5.4	3.1	4.6
IMPI-068	1595.6	42.3	612.9	1.4

[2721]

[2722] 표 E2-2: SARS-CoV-2 스파이크 단백질 서브유닛에 대한 HTRF 결합. 항체 클론의 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인, S1 서브유닛, S2 서브유닛 및 전장 안정화된 스파이크 삼량체 단백질에의 결합에 대한 HTRF 델타F 값.

[2723] HTRF 결합 검정을 위한 물질 및 방법

[2724] 인간 IgG1 중쇄 및 경쇄를 코딩하는 발현 벡터로 형질감염된 현탁 CHO 세포로부터 수집된 상청액을 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3), S1 서브유닛 (시노 바이올로지칼 40591-V08H), S2 서브유닛 (시노 바이올로지칼 40590-V08B) 및 전장 안정화된 스파이크 삼량체 단백질 (사내)에의 결합에 대해 스크리닝하였다. 모든 단백질은 His 태그를 포함하였다. 1 내지 2 μg/mL로 정규화된 5 μL/웰의 상청액을 384 웰 백색 HTRF 플레이트 (그라이너(Greiner) 784904-012) 내로 플레이팅하였다. 5 μL/웰의 양성 대조군 (RBD, S1 및 삼량체 결합 검정의 경우 시노 바이올로지칼 항-SARS-COV-2 RBD 항체 40150-D001; S2 결합 검정의 경우 시노 바이올로지칼 항-SARS-COV-2 S2 항체 40590-D001) 및 음성 대조군 (비-결합 인간 IgG1, 사내) 항체를 요구되는 웰에 발현 배지 (깁코(Gibco) A1383502) 중에 첨가하였다. 양성 및 음성 대조군 항체를 RBD, S1, S2 및 삼량체 결합 검정에 대해 각각 1.2nM, 1.2nM, 2nM 및 4nM로 첨가하여 0.3nM, 0.3nM, 0.5nM 및 1nM의 최종 농도를 제공하였다. HTRF 완충제 (PBS (깁코 14190250), 0.1% BSA (시그마(Sigma) A7906), 0.53M KF (시그마 60238-100G-F)) 중에 4nM로 희석된 RBD, 40nM로 희석된 S1, 20nM로 희석된 S2 또는 20nM로 희석된 스파이크 삼량체 5 μL/웰을 상청액 상단에 첨가하여 1 nM, 10 nM, 5nM 및 5nM의 최종 농도를 제공하였다. 실온에서 30분 인큐베이션 후, RBD, S1, S2 및 스파이크 삼량체 결합 검정에 대해 각각 0.42nM, 1.67nM, 0.83nM 및 1.67nM로 희석된 항-인간 IgG 유로퓸 크립테이트 폴리클로날 항체 (시스바이오 61HFCKLB)와 함께 HTRF 완충제 중에 13.3 nM로 희석된 항-히스티딘 d2 모노클로날 항체 (시스바이오 61HISDLB) 10 μL/웰을 웰에 첨가하였다. 플레이트를 RBD, S1 및 S2 결합 검정의 경우 2시간 동안 및 스파이크 삼량체 결합 검정의 경우 4시간 동안 실온에서 인큐베이션되도록 두었다. 이어서, 플레이트를 엔비전 (퍼킨 엘머) 상에서 여기를 위해 320 nm를 사용하고 665 및 620 nm에서 형광을 검출하여 판독하였다.

[2725]

HTRF 결합 검정	스파이크 단백질의 최종 농도	항-His d2 항체의 최종 농도	항-인간 IgG 항체의 최종 농도
RBD에 대한 결합	[RBD] = 1nM	6.67nM	0.21nM
S1에 대한 결합	[S1] = 10nM	6.67nM	0.83nM
S2에 대한 결합	[S2] = 5nM	6.67nM	0.42nM
스파이크 삼량체에 대한 결합	[삼량체] = 5nM	6.67nM	0.83nM

[2726] 표 E2-3: HTRF 검정을 위한 시약 농도

[2727] 히트의 선택은 개별 결합 검정에서 모든 웰에 대해 수득된 델타 F 값의 전체 분포를 나타내는, 진데이터 바이올로직스(Genedata Biologics) (진데이터)를 사용하여 생성된 히스토그램에 기초하였다. 각각의 결합 검정에 대한 선택 기준 ("컷-오프") (델타 F, 표 E2-1에 요약됨)을 히트의 빈도가 감소할 때 히스토그램의 후미에 시각적으로 적용하였다. HTRF 검정 중 적어도 하나에서 양성인 임의의 클론을 2차 스크리닝 단계로 진행시켰다.

[2728] 식 1: 1차 스크리닝을 위한 HTRF 비의 계산:

[2729] $$\text{HTRF 비} = \frac{665\,nm\text{에서의 형광}}{620\,nm\text{에서의 형광}} \times 10000$$

[2730] 식 2: HTRF 결합 검정을 위한 델타 F의 계산:

[2731] $$\text{델타 F} = \frac{(HTRF\ 비_{샘플} - HTRF\ 비_{최소})}{(HTRF\ 비_{최소})} \times 100$$

[2732] 최소 신호 (HTRF $비_{최소}$)를 스파이크 단백질 및 음성 대조군 항체를 함유하는 웰로부터 수득하였다.

[2733] 실시예 3. HTRF RBD:ACE2 중화 검정

[2734] 실시예 1로부터의 492개의 선택된 항체를 SARS-CoV-2 바이러스의 스파이크 단백질의 RBD 도메인과 그의 리간드인 인간 ACE2 단백질 사이의 결합을 중화시키는 그의 능력에 대해 스크리닝하였다. ACE2는 세포에 대한 결합 및 진입을 위해 바이러스에 의해 표적화되며, 따라서 스파이크 단백질에 대한 수용체로서의 역할을 하는 세포 표면 단백질이다. 모든 항체를 상청액으로서 초기에 단일 농도에서 스크리닝하였다 (요약이 표 E3-1에 제시됨). 4개의 배치의 스크리닝을 수행하였으며, 히트 (선택 기준을 통과한 항체)는 하기와 같았다:

[2735]

	151개 클론			83개 클론				
검정	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수
중화 RBD/ACE2	% 효과 < 89	21	% 효과 < 100	16	% 효과 < 111	8	% 효과 < 105	5

[2736] 표 E3-1: HTRF RBD:ACE2 중화 스크리닝으로부터 생성된 선택 컷-오프를 충족하는 1차 히트의 수의 요약

[2737] 263개의 항체-발현 CHO 세포로부터의 상청액이 실시예 2의 HTRF 결합 검정 및/또는 실시예 3의 상기 중화 검정에서 초기 1차 스크리닝을 통과하였다. 이들 263개의 항체를 정제하고, RBD:ACE2 중화 검정에서 완전 적정으로서 다시 재-스크리닝하여 IC50 값을 생성하였다. 이들 항체의 선택에 대한 결과 및 IC50 값 (계산이 가능한 경우)이 표 E3-2에 제시된다.

클론	중화 RBD:ACE2 (IC50, M)	중화 스파이크 삼량체:ACE2 (IC50, M)
IMPI-004	2.42E-09	4.09E-09
IMPI-029	1.26E-09	3.31E-09
IMPI-056	1.93E-09	3.73E-09
IMPI-047	3.36E-09	7.30E-09
IMPI-005	3.18E-09	1.31E-08
IMPI-006	한계값 미만	불활성
IMPI-055	3.39E-09	4.50E-09
IMPI-054	2.28E-09	1.16E-08
IMPI-017	8.32E-10	3.15E-09
IMPI-059	2.02E-09	8.38E-09
IMPI-037	7.76E-09	1.37E-08
IMPI-060	한계값 미만	5.26E-09
IMPI-013		한계값 미만
IMPI-028		불활성
IMPI-027		증가된 결합
IMPI-033		증가된 결합
IMPI-021	4.87E-09	예
IMPI-032		예
IMPI-038		증가된 결합
IMPI-022		불활성
IMPI-024	불활성	증가된 결합
IMPI-002	8.15E-09	예
IMPI-052	4.85E-09	예
IMPI-042	5.54E-09	예
IMPI-063		불활성
IMPI-067		한계값 미만
IMPI-068		증가된 결합

[2738]

[2739] 표 E3-2: HTRF 중화 IC50 값

[2740] "한계값 미만"은 일부 중화 활성이 존재하지만 IC50 값을 생성하기에는 충분하지 않다는 것을 나타낸다. "예"는 항체가 단일 농도에서 시험되었고 중화 활성이 존재하였지만, IC50 값이 계산될 수 있도록 완전 적정은 수행되지 않았다는 것을 나타낸다. "증가된 결합"은 ACE2:삼량체 사이에 (차단 또는 활성 부재보다는) 결합의 증가가 관찰되었다는 것을 나타낸다. "불활성"은 이 특이적 검정에서 유의한 중화 활성이 관찰되지 않았다는 것을 나타낸다. 블랭크는 항체가 검정에서 시험되지 않았다는 것을 나타낸다. IMPI-013 및 IMPI-063 (S2 결합제) 및 IMPI-032, IMPI-022 및 IMPI-067 (삼량체 결합제)은 RBD에 결합하지 않기 때문에 이들은 RBD:ACE2 중화 검정에서 시험되지 않았다.

[2741] 단리된 RBD 도메인을 사용한 검정은 항체를 RBD와 ACE2 사이의 상호작용에 대한 중화 또는 비-중화 항체로서 카테고리화하였다. 중화 항체인 것으로 결정된 항체의 IC50 값이 표 E3-2에 제시되며, 즉 표 E3-2에서의 수치 IC50 값은 중화 항체이다. 이 검정에서 RBD에 대해 비-중화인 것으로 결정된 항체가 또한 표시된다 ("불활성"). RBD 및 ACE2 결합의 억제에 의해 기능하지 않는 항체는 이 검정에서 '불활성'일 것이지만, 다른 검정에서 항체가 불활성일 것임을 의미하는 것은 아님을 주목한다.

[2742] ACE2에 결합하지 않는 항체에서의 중화 활성을 검사하기 위해, 완전 가용성 삼량체 단백질과 ACE2 사이의 중화를 측정하는 HTRF 검정에서 항체의 하위세트를 또한 시험하였다. 스파이크 삼량체 단백질을 사용하는 검정은 항체를 (i) 스파이크:ACE2 상호작용을 중화시키는 것, (ii) 스파이크:ACE2 상호작용을 중화시키지 않는 것 또는 (iii) 스파이크:ACE2 상호작용을 강화시키는 것으로 카테고리화하였다 (표 E3-2).

[2743] 중화 항체는 IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-47, IMPI-005, IMPI-006, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-037, IMPI-060, IMPI-013, IMPI-021, IMPI-032, IMPI-002, IMPI-052, IMPI-042, IMPI-067이었다.

[2744] 비-중화 항체는 IMPI-028, IMPI-022, IMPI-063이었다.

[2745] 효능제-유형 항체는 IMPI-027, IMPI-033, IMPI-038, IMPI-024, IMPI-068이었다.

[2746] 도 10을 참조하면, IMPI-059는 이 검정에서 ACE2 경쟁 중화 항체이고, 용량-의존성 방식으로 ACE2에 대한 스파이크 단백질의 결합을 중화시키는 전형적인 S자형 적정 곡선을 나타낸다. IMPI-027은 비통상적 효능제-유사 활성 프로파일을 나타내며, ACE2에 대한 스파이크의 증가된 결합이 항체의 존재 하에 용량-의존성 방식으로 관찰

된다. IMPI-024 및 IMPI-068에 대해 동일한 효능제-유사 현상이 관찰되었다. 도 11. IMPI-033 및 IMPI-038은 유사하게 거동하였다.

[2747] 본원의 다른 곳에 논의된 바와 같이, 비-중화 항체 또는 효능제-유형 항체는 조합으로서, 항체가 탈안정화된 삼량체 스파이크 단백질을 유도하거나, 비통상적 메카니즘에 의해 유사형 검정 및/또는 생 바이러스 검정에서 바이러스 감염을 중화시키거나, 또는 ACE2에 대한 RBD 결합을 중화시키는 항체와 상승작용하는 경우에 치료상 유용할 수 있다.

[2748] 비-중화 항체 및 중화 항체는 RBD의 상이한 영역에 결합할 것으로 예상되고, 따라서 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같은 DABA 검정에서 조합으로 유용하다.

[2749] ACE2와 스파이크 삼량체 단백질 사이의 결합을 강화시키는 항체는 스파이크 단백질의 상이한 영역에 결합하는 항-RBD 항체와 조합하여 (예를 들어, ACE2:스파이크 상호작용을 중화시키지 않는 항-RBD 항체와 조합하여) 사용하기 위한 포획 항체로서 특히 가치있을 수 있다. 강화 항체는 스파이크 단백질에 대한 항-RBD 항체의 결합을 증진시킬 수 있고, 따라서 진단 검정에서 스파이크 단백질의 검출 감도를 강화한다.

[2750] 물질 및 방법: RBD:ACE2의 중화를 위한 항체 상청액의 1차 스크리닝

[2751] 상기와 같이 인간 IgG1 중쇄 및 경쇄를 코딩하는 발현 벡터로 형질감염된 현탁 CHO로부터 수집된 상청액을 SARS-CoV-2 바이러스의 스파이크 단백질의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3)과 그의 리간드인 인간 ACE2 단백질 (본원에서 알렉사 플루오르(Alexa Fluor) 647로 직접 표지됨) 사이의 결합을 중화시키는 것에 대해 스크리닝하였다. 10 내지 20 μg/mL로 정규화된 5 μL/웰의 상청액을 384 웰 백색 HTRF 플레이트 (그라이너 784904-012) 내로 플레이팅하였다. 5 μL/웰의 양성 (시노 바이올로지칼스 40150-D001) 및 음성 대조군 (인간 IgG1, 사내) 항체를 요구되는 웰에 발현 배지 (깁코 A1383502) 중에 첨가하였다. 양성 및 음성 대조군 항체를 40nM로 첨가하여 10nM의 최종 농도를 제공하였다. HTRF 완충제 (PBS (깁코 14190250), 0.1% BSA (시그마 A7906), 0.53M KF (시그마 60238-100G-F)) 중에 40nM로 희석된 5 μL/웰의 RBD 단백질을 상청액 상단에 첨가하여 10nM의 최종 농도를 제공하였다. 실온에서 30분 인큐베이션 후, 5 nM의 최종 농도를 제공하도록 HTRF 완충제 중에 20nM로 희석된 AF647-표지된 인간 ACE2 5 μL/웰을 웰에 첨가하고, 이어서 30분 후, HTRF 완충제 중에 5.3nM으로 희석된 항-히스티딘 유로퓸 크립테이트 모노클로날 항체 (시스바이오 61HISKLB) 5 μL/웰을 웰에 첨가하였다. 플레이트를 실온에서 2시간 동안 인큐베이션한 다음, 엔비전 플레이트 판독기 (퍼킨 엘머) 상에서 여기를 위해 320 nm를 사용하고 665 및 620 nm에서 형광을 검출하여 판독하였다.

[2752] 히트의 선택은 중화 검정에서 모든 웰에 대해 수득된 % 효과 값의 전체 분포를 나타내는, 진데이터 바이올로직스 (진데이터)를 사용하여 생성된 히스토그램에 기초하였다. 선택 기준 (% 효과, 표 E3-1에 요약됨)은 히트의 빈도가 감소할 때 히스토그램의 후미에 시각적으로 적용된다. RBD:ACE2 중화 1차 HTRF 스크린에서 양성인 임의의 클론을 2차 스크리닝 단계로 진행시켰다.

[2753] 식 3: HTRF 중화 검정에 대한 % 효과의 계산:

[2754] $$\%\ 효과 = \frac{(HTRF\ 비_{샘플} - HTRF\ 비_{최소})}{(HTRF\ 비_{최대} - HTRF\ 비_{최소})} \times 100$$

[2755] 5nM의 AF647 ACE2, 10nM의 스파이크 RBD 및 10nM의 인간 IgG1 이소형 대조군을 함유하는 웰이 최대 신호 (HTRF 비$_{최대}$)로 지칭되고, 5nM의 AF647 ACE2, 10nM의 스파이크 RBD 및 10nM의 양성 대조군 항체 (시노 바이올로지칼 40590-D001)를 함유하는 웰이 최소 신호 (HTRF 비$_{최소}$)로 지칭된다.

[2756] 물질 및 방법: RBD:ACE2의 중화를 위한 정제된 클론의 2차 스크리닝

[2757] 1차 스크리닝 동안 확인된 정제된 항체를 SARS-CoV-2 바이러스의 스파이크 단백질의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3)과 그의 리간드인 인간 ACE2 단백질 (본원에서 알렉사 플루오르 647 (사내)로 직접 표지됨) 사이의 결합의 중화에 대해 다시 스크리닝하였다. 정제된 항체 뿐만 아니라 양성 (시노 바이올로지칼스 40150-D001) 및 음성 대조군 (인간 IgG1, 사내) 항체를 용리 완충제 (30 mM 포르메이트, 75mM 트리스 pH 7) 중에서 360 nM에서 출발하여 3배, 8-포인트 희석으로 이중으로 적정하여 90nM 내지 41pM의 최종 농도 범위에 도달하였다. 양성 및 음성 대조군 항체를 또한 40 nM에서 희석하여 10nM의 최종 농도를 제공하였다. 5 μL/웰의 적정된 항체를 384 웰 백색 HTRF 플레이트 (그라이너 784904-012) 내로 플레이팅하였다. HTRF 완충제 (PBS (깁코 14190250), 0.1% BSA (시그마 A7906), 0.53 M KF (시그마 60238-100G-F)) 중에 40nM로 희석된 RBD 단백질 5 μL/웰을 웰에 첨가하여 10nM의 최종 농도를 제공하였다. 실온에서 30분 인큐베이션 후, 5 nM의 최종 농도를 제

공하도록 HTRF 완충제 중에 20nM로 희석된 AF647-표지된 인간 ACE2 5 μL/웰을 웰에 첨가하고, 이어서 30분 후, HTRF 완충제 중에 5.3nM으로 희석된 항-히스티딘 유로퓸 크립테이트 모노클로날 항체 (시스바이오 61HISKLB) 5 μL/웰을 웰에 첨가하였다. 플레이트를 실온에서 2시간 동안 인큐베이션한 다음, 엔비전 플레이트 판독기 (퍼킨 엘머) 상에서 여기를 위해 320 nm를 사용하고 665 및 620 nm에서 형광을 검출하여 판독하였다.

[2758] 식 4: HTRF 중화 검정에 대한 % 중화의 계산:

[2759] $$\%\ \text{중화} = 100 - \frac{(\text{HTRF 비}_{\text{샘플}} - \text{HTRF 비}_{\text{최소}})}{(\text{HTRF 비}_{\text{최대}} - \text{HTRF 비}_{\text{최소}})}$$

[2760] 5 nM의 AF647 ACE2, 10nM의 스파이크 RBD 및 10 nM의 인간 IgG1 이소형 대조군을 함유하는 웰이 최대 신호 (HTRF 비$_{\text{최대}}$)로 지칭되고, 5 nM의 AF647 ACE2, 10nM의 스파이크 RBD 및 10 nM의 양성 대조군 항체 (시노 바이올로지칼 40590-D001)를 함유하는 웰이 최소 신호 (HTRF 비$_{\text{최소}}$)로 지칭된다.

[2761] 정제된 항체에 대한 IC50 값 (표 E3-2에 요약됨)을 프리즘 8 (그래프패드)을 사용하여 결정하였으며, 여기서 각각의 항체 용량 반응에 대한 계산된 % 중화를 '비-선형 회귀, 용량 반응, log (억제제) 대 반응 - 가변 기울기 (4 파라미터) 구축된 분석을 사용하여 분석하였다.

[2762] 물질 및 방법: 스파이크 삼량체:ACE2의 중화를 위한 정제된 클론의 2차 스크리닝

[2763] 1차 스크리닝 동안 확인된 정제된 항체를 SARS-CoV-2 바이러스의 완전 가용성 스파이크 삼량체와 그의 리간드인 인간 ACE2 단백질 (본원에서 알렉사 플루오르 647로 직접 표지됨) 사이의 결합의 중화에 대해 다시 스크리닝하였다. 정제된 항체를 용리 완충제 (30 mM 포르메이트, 75mM 트리스 pH 7) 중에서 800 nM에서 출발하여 10배, 2-포인트 희석으로 이중으로 적정하여 200 nM 및 20 nM의 최종 농도 범위에 도달하였다. 양성 (시노 바이올로지칼스 40150-D001) 및 음성 대조군 (인간 IgG1, 사내) 항체를 또한 용리 완충제 중에서 2400 nM로부터 출발하여 5배, 8-포인트로 적정하여 600 nM 내지 7.68 pM의 최종 농도 범위에 도달하였다. 5 μL/웰의 적정된 항체를 384 웰 백색 HTRF 플레이트 (그라이너 784904-012) 내로 플레이팅하였다. HTRF 완충제 (PBS (깁코 14190250), 0.1% BSA (시그마 A7906), 0.53 M KF (시그마 60238-100G-F)) 중에 20 nM로 희석된 스파이크 삼량체 5 μL/웰을 웰에 첨가하여 5 nM의 최종 농도를 제공하였다. 실온에서 30분 인큐베이션 후, 40 nM의 최종 농도를 제공하도록 HTRF 완충제 중에 160 nM로 희석된 AF647-표지된 인간 ACE2 5 μL/웰을 웰에 첨가하고, 이어서 30분 후, HTRF 완충제 중에 21.3 nM으로 희석된 항-히스티딘 유로퓸 크립테이트 모노클로날 항체 (시스바이오 61HISKLB) 5 μL/웰을 웰에 첨가하였다. 플레이트를 실온에서 4시간 동안 인큐베이션한 다음, 엔비전 플레이트 판독기 (퍼킨 엘머) 상에서 여기를 위해 320 nm를 사용하고 665 및 620 nm에서 형광을 검출하여 판독하였다.

[2764] 식 3: 중화 검정에 대한 % 효과 및 % 중화의 계산:

[2765] $$\%\ \text{효과} = \frac{(\text{HTRF 비}_{\text{샘플}} - \text{HTRF 비}_{\text{최소}})}{(\text{HTRF 비}_{\text{최대}} - \text{HTRF 비}_{\text{최소}})} \times 100 = 100 - \%\ \text{중화}$$

[2766] 40 nM의 AF647 ACE2 및 5 nM의 스파이크 삼량체를 함유하는 웰이 최대 신호 (HTRF 비$_{\text{최대}}$)로 지칭되고, 40 nM의 AF647 ACE2를 단독으로 함유하는 웰이 최소 신호 (HTRF 비$_{\text{최소}}$)로 지칭된다.

[2767] 상기 검정에서 (i) 스파이크:ACE2 상호작용을 중화시키고 (iii) 스파이크:ACE2 상호작용을 강화시키는 것으로 확인된 항체 (표 E3-2)를, 용리 완충제 (30 mM 포르메이트, 75mM 트리스 pH 7) 중에서 800 nM로부터 출발하여 3배, 8-포인트 희석으로 이중으로 정제된 항체의 적정을 수행하여 200 nM 내지 91.4 pM의 최종 농도 범위에 도달함으로써 스파이크 삼량체:ACE2 HTRF 중화 검정에서 다시 확인하였다. 정제된 항체에 대한 IC50 값 (표 E3-2에 요약됨)을 프리즘 8 (그래프패드)을 사용하여 계산였으며, 여기서 각각의 항체 용량 반응에 대한 계산된 % 중화를 '비-선형 회귀, 용량 반응, log (억제제) 대 반응 - 가변 기울기 (4 파라미터) 구축된 분석을 사용하여 분석하였다.

[2768] 실시예 4. 슈도바이러스 중화 검정

[2769] 실시예 2에 기재된 HTRF ΔF 기준을 충족하는 255개의 삼량체-결합 항체, 실시예 2로부터의 S1 결합 (삼량체 결합은 아님)에 대한 HTRF ΔF 기준을 충족하는 4개의 추가의 항-S1 항체 및 중화 HTRF 검정에서 양성인 4개의 추가의 중화 항체 (실시예 3 참조)가 총 263개의 후보 항체를 제공하였다. 본 발명자들은 슈도바이러스 외피에 야생형 SARS-CoV-2 스파이크 삼량체 단백질을 갖는 비-복제-적격 슈도바이러스 입자를 사용하는 슈도바이러스

중화 검정에서 이들을 추가로 스크리닝하여 이들의 활성을 평가하였다.

[2770] 1차 HTRF 스크리닝 동안 SARS-Cov-2 스파이크 삼량체에 결합하는 것으로 확인된 정제된 항체를 키맙에서 개발된 고처리량, 384-웰 포맷, 세포-기반 바이러스 중화 검정 (문헌 [Ferrera and Temperton, Methods Protoc. 2018 Mar; 1(1): 8]으로부터 적합화됨)에서 SARS-CoV-2 스파이크 슈도바이러스의 중화에 대해 시험하였다. 모든 삼량체 결합제를 2-포인트 적정 (100nM 및 10nM)으로서 초기에 시험하고, 이 검정에서 활성을 나타내는 모든 항체를 50nM로부터 출발하여 전체 8 포인트 적정으로서 실행하였다. 적정 항체를 반딧불이 루시페라제를 코딩하는 SARS-CoV-2 슈도바이러스 입자와 함께 인큐베이션한 후, 인간 재조합 ACE2 및 TMPRSS2를 코딩하는 DNA 플라스미드로 일시적으로 형질감염된 렌티-X 293 세포에 첨가하였다. TMPRSS2는 스파이크 단백질을 그의 S1 및 S2 서브유닛으로 절단하여 바이러스가 ACE2에 부착하고 세포에 진입하도록 하는 프로테아제이다. 슈도바이러스 입자의 게놈이 세포 내로의 진입 후 숙주 세포 게놈 내로 통합되는 경우에, 반딧불이 루시페라제 발현은 형질도입된 세포의 수에 비례한다. 48시간 인큐베이션 후에, 세포를 용해시키고, 단지 세포에서, 단지 유사형 바이러스로 형질도입된 세포에서 및 항체의 존재 하에 유사형 바이러스로 형질도입된 세포에서 검출된 루시페라제 신호 사이의 비교는 시험된 유사형에 대한 중화 활성의 결정을 가능하게 한다.

클론	IC50 (pM)	IC50 신뢰 구간 (pM)	IC50 (ug/ml)	SAD S35 항체 대비 배수 변화
IMPI-059	3.2	2.38 내지 4.24	0.0005	1407.84
IMPI-017	9.0	6.64 내지 12.1	0.0013	501.75
IMPI-004	34.0	25.7 내지 44.8	0.0051	132.43
IMPI-055	36.2	21.5 내지 57.8	0.0054	124.56
IMPI-029	43.3	28 내지 66.31	0.0065	104.11
IMPI-056	82.2	48.4 내지 137	0.0123	54.88
IMPI-047	87.2	38.5 내지 186	0.0131	51.69
IMPI-054	94.5	42.5 내지 194	0.0142	47.71
IMPI-021	164.2	95 내지 274	0.0246	24.28
IMPI-002	343.9	113 내지 895	0.0516	11.59
IMPI-052	507.7	254 내지 942	0.0761	7.85
IMPI-005	530.5	308 내지 889	0.0796	8.50
IMPI-042	1441.5	727 내지 2690	0.2162	2.77
IMPI-013	2305.5	1070 내지 4340	0.3458	1.73
IMPI-028	2921.4	1040 내지 8370	0.4382	1.36
IMPI-060	6168.9	2440 내지 15200	0.9253	0.73
IMPI-024	6846.2	2410 내지 31700	1.0269	0.58
IMPI-063	9981.9	2330 내지 270000	1.4973	0.35
IMPI-068	13091.4	2100 내지 1540000	1.9637	0.26
IMPI-032	14862.7	6370 내지 60500	2.2294	0.27
IMPI-037	30672.1	7300 내지 1200000	4.6008	0.15
IMPI-027	31645.6	5320 내지 3060000	4.7468	0.13
IMPI-038	54979.4	13400 내지 3020000	8.2469	0.07
IMPI-067	72329.5	13600 내지 1990000	10.849	0.05
IMPI-022	n/a	n/a	n/a	n/a
IMPI-006	n/a	n/a	n/a	n/a
IMPI-033	n/a	n/a	n/a	n/a
mAb A	34.404	24.1 내지 48.3	0.0052	151.72
mAb B	291.3	125 내지 649	0.0437	17.92
mAb C	227.4	159 내지 322	0.0341	22.96
mAb D	n/a	n/a	n/a	n/a
4A8	960.4	444 내지 2200	0.1441	5.44
SAD S35	5220	2770 내지 9910	0.7830	1

[2771]

[2772] 표 E4-1: 슈도바이러스 중화 검정에서의 항체의 효력

[2773] IC50 값 (피코몰)으로서 표현된, SARS CoV2 유사형 바이러스에 대한 선택된 항체의 중화 효력. 신뢰 구간이 표시되고, 데이터는 SAD S35 항체 대비 배수 변화로서 표현된다. n/a는 항체가 50% 중화에 도달하지 않았고, IC50이 계산될 수 없다는 것을 나타낸다.

[2774] 물질 및 방법

[2775] SARS-CoV-2 재조합 유사형 바이러스의 생성

[2776] 켄트 대학교(University of Kent)의 니겔 템퍼톤(Nigel Temperton) 박사로부터 입수한 플라스미드를 사용하여 비-복제 유사입자를 생성하였다 (Hyseni et al. Viruses 12(9):1011 2020). 플라스미드 pCAGGS-ACE2는 발현 벡터 pCAGGS에 인간 ACE2 코딩 서열 (진뱅크: AB193259.1)을 함유한다. 플라스미드 pCAGGS-TMPRSS2는 발현 벡터 pCAGGS에 인간 TMPRSS2 코딩 서열 (NCBI 참조 서열: NM_001135099.1)을 함유한다. 간략하게, 10% 열-불활성화 태아 소 혈청 (깁코)을 함유하는 DMEM 배지 중 총 $5x10^6$개의 렌티-X 293T 세포 (클론테크(Clontech), 632180)를 10cm 디쉬에 밤새 시딩하였다. 다음 날, 리포펙타민 퓨진 (프로메가 cat#E2311)을 제조업체의 지침서에 따라 사용하여 세포를 1μg의 스파이크 발현 플라스미드, pcDNA 3.1-SARS2-스파이크, 1μg gag-pol (p8.9) 및 1.5μg CSFLW (리포터 유전자로서 반딧불이 루시페라제를 갖는 렌티바이러스 백본을 코딩하는 DNA 플라스미드)로 형질감염시켰다. 유사입자를 함유하는 상청액을 형질감염 48, 72 및 96시간 후에 수집하고, 0.45uM 셀룰로스 아세테이트 필터를 사용하여 멸균 여과하였다. 상청액을 분취하고 -80℃에서 저장하거나 또는 추가로 농축시켰다. 농축시킨 경우, 상청액을 6000g로 밤새 원심분리한 다음, 여과된 상청액을 목적하는 부피로 풀링하고, -80℃/액체 질소에서 동결시켰다. 이어서, 바이러스 유사입자의 TCID50 (50% 종점 역가)을 스피어만-카버 방법에 따른 연속 희석을 사용하여 계산하였다.

[2777] pCSFLW는 반딧불이 루시페라제 리포터-발현 렌티바이러스-백본 플라스미드이며, 이는 긴 말단 반복부, 패키징 신호, 프로모터 반딧불이 루시페라제 리포터 유전자를 갖는 렌티바이러스 변형된 RNA 게놈을 생산한다. pCSFLW는 pCSGW로부터 유래되며, 여기서 녹색 형광 단백질 코딩 유전자가 반딧불이 루시페라제 리포터 유전자에 의해 대체된다.

[2778] 표적 세포주

[2779] ACE2 및 TMPRRS2를 발현하는 렌티-X HEK293T 세포를 유사형 중화 검정을 위한 표적 세포로서 사용하였다. 세포를 검정을 위해 24시간 전에 준비하였다. 10% 열-불활성화 태아 소 혈청 (깁코)을 함유하는 DMEM 배지 중 총 $2.5x10^6$개의 렌티-X 세포를 T25 플라스크에 밤새 시딩하였다. 다음 날, 퓨진 (프로메가 cat#E2311) 형질감염 시약을 제조업체의 지침서에 따라 사용하여 세포를 1μg pCAGGS-ACE2 플라스미드 및 75ng pCAGGS-TMPRSS2 플라스미드로 형질감염시켰다. 24시간 후, 세포를 트립신처리에 의해 제거하고, 슈도바이러스 중화 검정에 사용하였다.

[2780] 8-포인트 적정 슈도바이러스 중화 검정

[2781] 정제된 항체를 초기에 96-웰 플레이트에서 10% 열-불활성화 태아 소 혈청 (깁코)을 함유하는 DMEM 배지 중에 5배 희석하였다. 이어서, 항체를 384 웰 플레이트 내에서 50nM 농도에서 출발하여 8-포인트 희석으로 삼중으로 추가로 적정하여 0.64pM의 최종 농도에 도달하였다. 양성 (시노 바이올로지칼스 40150-D001 및 아크로 바이오시스템즈 SAD-S35 모노클로날 항체) 및 음성 (인간 IgG1 항체, 사내) 대조군 항체를 또한 동일한 농도로 희석하였다. 15μL/웰의 적정된 항체를 384 웰 플레이트 내로 플레이팅하였다. 하기 대조군을 사용하였다: 세포 단독, 세포 및 바이러스 (항체 없음), 양성 대조군 항체, 음성 대조군 항체. 이어서, 15μL/웰의 희석된 유사형화 바이러스를 50-100 $TCID_{50}$의 농도로 첨가하였다 (세포 단독 대조군 제외). 플레이트를 500rpm으로 5초 동안 원심분리하고, 항체 및 슈도바이러스를 37℃ (5% CO_2)에서 1시간 동안 인큐베이션되도록 두었다. 이어서, 재조합 인간 ACE2 및 TMPRSS2를 일시적으로 발현하는 렌티-X 293T 세포를 각각의 웰에 첨가하여 웰당 $5x10^3$개 세포의 최종 세포 수를 수득하였다. 플레이트를 500rpm으로 5초 동안 원심분리하고, 37℃ (5% CO_2)에서 48시간 동안 인큐베이션되도록 두었다. 35ul의 브라이트글로 (프로메가 cat# E2610)를 검출 시약으로서 각각의 웰에 첨가하였다. 플레이트를 엔비전 플레이트 판독기 (퍼킨 엘머) 상에서 여기를 위해 X nm를 사용하고 x 및 x nm에서 발광을 검출하여 판독하였다. 각각의 항체의 퍼센트 중화를 세포 단독 (100%) 및 바이러스/세포 단독 (항체 없음) (0%)으로 정규화된 루시페라제 활성에 기초하여 계산하였다.

[2782] 실시예 5. SARS-CoV-2 야생형 생 바이러스 중화 검정

[2783] 야생형 SARS-CoV-2 바이러스의 진입을 중화시키는 항체의 능력을 Vero-E6 세포에 대한 중화 검정에 의해 평가하였다. 적정 항체를 100 TCID50의 SARS-CoV-2/영국/IC19/2020 바이러스 균주 (임페리얼 칼리지 런던(Imperial College London))와 함께 인큐베이션하고, Vero E6 세포와 함께 5일 동안 인큐베이션하였다. 항체의 선택에 대한 결과가 표 E5-1에 제시되며, 100% 바이러스 중화를 나타낸 최저 희석 (pM 농도로서)으로서 표현되었다.

클론	SARS CoV2 중화 (완전한 바이러스 억제, pM)
IMPI-004	391
IMPI-029	781
IMPI-056	781
IMPI-047	781
IMPI-005	1563
IMPI-006	25000
IMPI-055	391
IMPI-054	391
IMPI-017	781
IMPI-059	1563
IMPI-037	25000
IMPI-060	12500
IMPI-013	50000
IMPI-028	12500

[2784]

[2785] 표 E5-1: 생 바이러스 중화 검정에서의 항체의 효력

[2786] 완전한 바이러스 억제 값 (피코몰)으로서 표현된, 야생형 SARS CoV2 바이러스에 대한 선택된 항체의 중화 효력.

[2787] 본 발명자들은 슈도바이러스 검정 및 생 바이러스 검정에서의 항-RBD 항체의 성능 사이의 탁월한 상관관계를 발견하였으며, 이는 슈도바이러스 중화 검정이 바이러스의 세포로의 진입의 억제를 측정하기 위한 우수한 대용물이라는 것을 나타낸다. 이 검정에서의 강력한 활성은 이들 항체가 생체내에서 바이러스의 세포 내로의 진입을 중화시킬 수 있다는 것을 나타낸다.

[2788] 물질 및 방법

[2789] 영국 런던 소재 세인트 메리 병원(St. Mary's Hospital)에 입원한 환자로부터 수집된 임상 샘플로부터의 Caco2 세포에서 SARS-CoV-2/영국/IC19/2020을 단리하였다. 항체를 1% 페니실린-스트렙토마이신 (써모 피셔 사이언티픽(Thermo Fisher Scientific)), 0.3% BSA 분획 V (써모 피셔 사이언티픽) 및 0.25 μgmL-1 TPCK 트립신 (워싱턴)을 함유하는 DMEM (깁코, 써모 피셔 사이언티픽)으로 이루어진 검정 희석제 중에 (0.5-1uM의 출발 농도로부터) 연속 희석하였다. 희석 항체를 검정 희석제 중에 희석된 웰당 100 TCID50의 SARS-CoV-2/영국/IC19/2020과 함께 실온에서 1시간 동안 인큐베이션하고, Vero-E6 세포로 사전-시딩된 96-웰 플레이트로 옮겼다. TCID50 (50% 감염에 대한 조직 배양 감염 용량)은 바이러스의 주어진 희석 값에서 웰 내의 조직 배양 세포의 50% (즉, 2/4, 4/8, 6/12)를 감염시킬 수 있는 바이러스의 양이다. 따라서, 100 TCID50은 TCID50의 100배이다. 항체 희석을 이중으로 수행하였다. 플레이트를 37℃, 5% CO_2에서 5일 동안 인큐베이션한 후, 동일 부피의 2X 크리스탈 바이올렛 염색제를 웰에 1시간 동안 첨가하였다. 플레이트를 세척하고, 웰을 세포병변 효과에 대해 점수화하고, 100% 중화 역가를 전체 바이러스 중화 (세포 감염의 증거 없음)가 발생한 최고 항체 희석률로서 계산하였다. 출발 항체 농도가 공지되어 있기 때문에, 이때 완전한 바이러스 억제를 유발한 항체 희석률은 100% 또는 완전한 바이러스 중화를 유발하는 항체의 농도로 보고된다.

[2790] 실시예 6. 결합 친화도 및 동역학의 표면 플라즈몬 공명 (SPR) 결정

[2791] 칩 (시티바로부터의 CM4) 상에서 비아코어 8K (시티바)를 칩 상에 고정화된 항 hFc 항체 (인간 항체 포획 키트; 시티바)와 함께 사용하여 SPR 실행 (단일 사이클 동역학)을 수행하였다. 칩은 덱스트란-코팅된 금 층이고, 항-hFc는 아민 커플링을 사용하여 부착된다. 완충제 HBS-P+ (시티바)를 실행 완충제로서 사용하였다. 이 완충제는 pH 7.4이고, 수용액 중 0.01 M HEPES (4-(2-히드록시에틸)-1-피페라진에탄술폰산), 0.15 M NaCl 및 0.05% v/v 계면활성제 P20을 포함한다. 칩 온도를 25℃에서 유지하였다.

[2792] IMPI 항체를 CHO 세포에서의 발현에 의해 인간 IgG1로서 생산하고, 이전에 기재된 바와 같이 정제하였다. 항체를 1μg/ml에서 포획하였다. 수용체 결합 도메인 (네일 킹, 워싱턴 대학교), S1 스파이크 도메인 (시노 바이올로지칼), S1 스파이크 도메인 D614G 변이체 (시노 바이올로지칼), S2 스파이크 도메인 (시노 바이올로지칼) 또는 스파이크 단백질 삼량체 (사내 생산, 도 2a에 제시된 바와 같은 야생형 또는 도 2b에 제시된 바와 같은 PP 돌연변이 함유 및 둘 다의 경우 C-말단 삼량체화 도메인 함유)를 0.39, 1.56, 6.25, 25 및 100 nM에서 120초 동안 30ul/분으로 주사하였다. 해리를 600초 동안 모니터링하였다. 칩 표면을 3M 염화마그네슘으로 재생시켰다. 참조 및 블랭크 차감 센소그램을 1:1 결합 모델 (비아코어 인사이트 평가 소프트웨어)을 사용하여 피팅하

였다.

클론	k_a (1/Ms)	k_d (1/s)	RBD에 대한 결합 kD (M)
IMPI-004	2.01E+06	6.87E-04	3.41E-10
IMPI-029	8.08E+05	1.57E-04	1.95E-10
IMPI-056	5.84E+05	2.57E-04	4.40E-10
IMPI-047	3.68E+05	8.78E-04	2.38E-09
IMPI-005	2.30E+06	7.10E-03	3.09E-09
IMPI-006	9.30E+09	8.19E+00	8.80E-10
IMPI-055	2.75E+06	2.64E-03	9.59E-10
IMPI-054	5.64E+05	6.27E-04	1.11E-09
IMPI-017	5.22E+05	9.76E-04	1.87E-09
IMPI-059	6.59E+06	4.26E-03	6.46E-10
IMPI-037	2.50E+06	2.32E-02	9.28E-09
IMPI-060	4.69E+05	2.77E-02	5.92E-08
IMPI-013*			결합 없음
IMPI-028	5.34E+05	1.36E-02	2.56E-08
IMPI-027	6.48E+09	2.63E+01	4.06E-09
IMPI-033	2.20E+06	7.41E-03	3.37E-09
IMPI-021	5.48E+05	4.43E-03	8.08E-09
IMPI-032**			결합 없음
IMPI-038	4.20E+06	1.23E-02	2.92E-09
IMPI-022**			결합 없음
IMPI-024	2.12E+06	1.34E-03	6.33E-10
IMPI-002	1.82E+06	4.02E-02	2.21E-08
IMPI-052	1.93E+06	2.54E-02	1.32E-08
IMPI-042	5.36E+05	6.17E-04	1.15E-09
IMPI-063*			결합 없음
IMPI-067**			결합 없음
IMPI-068	1.85E+06	7.50E-02	4.05E-08
mAb A	4.89E+06	4.00E-03	8.19E-10
mAb B	3.65E+06	3.31E-02	9.06E-09
mAb C	2.93E+06	3.39E-02	1.16E-08

[2793]

[2794] 표 E6-1: SPR에 의해 측정된 단리된 RBD에 대한 동역학 상수

[2795] K_a 회합률 상수

[2796] K_d 해리율 상수

[2797] K_D 평형 해리 상수

[2798] *IMPI-013 및 IMPI-063은 S2 결합제이므로, 이 RBD 결합의 결여는 예상된 바와 같다.

[2799] **IMPI-022, IMPI-032 및 IMPI-067은 SPR에 의해 측정 시 단리된 RBD에 대한 검출가능한 결합을 나타내지 않은 삼량체-단독 결합제이다.

[2800] ACE-2 경쟁 항-RBD 항체에 대한 SPR 데이터를 슈도바이러스 중화 검정에서 이들 항체에 대한 상응하는 데이터와 비교하면, 본 발명자들은 슈도바이러스 중화 검정에서 가장 강력한 (<100 pM) 중화를 나타낸 항체가 또한 SPR에 의해 결정 시 높은 친화도 (nM 이하의 KD, 즉 <1E09 M)를 나타냈다는 것을 알 수 있다. 이는 IMPI-059, IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-006 및 IMPI-055를 포함한다.

[2801] ACE-2 경쟁 항-RBD 군으로부터의 최상의 항체의 선택을 전체 S1 서브유닛, S2 서브유닛 및 스파이크 단백질 삼량체에의 결합에 대해 SPR에 의해 추가로 평가하였다.

[2802] 요약하면, 본 발명자들은 참조 항체와 비교하여 RBD에 대한 더 높은 친화도 결합을 발견하였고, S2에 대한 유의한 결합은 없었다. IMPI 항체는 모두 스파이크 단백질의 S1 서브유닛의 돌연변이체 D614G에 결합하였다. D614G는 RBD의 하류의 S1 서브유닛에 위치한다. 삼량체 단백질에서, 이 잔기는 S2 서브유닛과의 계면에 가깝게 위치한다. RBD로부터의 거리에도 불구하고, 잔기 614는 적어도 일부 항-RBD 항체의 결합에 영향을 미칠 수 있는 것으로 보인다. RBD 도메인의 측면에 결합하는 ACE-2 경쟁 항-RBD 항체인 참조 항체 mAb B는 D614G에 대한 친화도의 감소를 나타내는 것으로 관찰되었다. D614G 변이체는 유행병 시작 근처에서 관찰된 바이러스에서 발생한 돌연변이이며, 이는 점차 발생하여 바이러스의 우성 변이체가 되었다. D614G의 유의성은 불명확하지만, 일부 시험관내 데이터는 이 돌연변이가 바이러스를 약간 더 감염성으로 만들고, 더 많이 바이러스 배출시키며,

2020년 2월 이래로 이 균주가 전세계적으로 가장 널리 확산된 바이러스 형태가 되었다는 것을 시사한다. 따라서, D614G 돌연변이를 포함하는 스파이크 단백질에 결합하는 것은 치료 용도로 의도되는 항체에서, 뿐만 아니라 샘플이 SARS-CoV-2에 대해 양성인지 여부를 검출하기 위한 진단에서 고도로 유리하다. 따라서, IMPI 항체에 의한 D614G 균주에 대한 결합의 보유는 임상에서의 그의 용도에 대해 고무적이다.

[2803]

클론	분석물	k_a (1/Ms)	k_d (1/s)	KD (M)
IMPI-013	삼량체 (wt)	4.40E+04	2.95E-05	6.70E-10
IMPI-013	안정화된 삼량체 (PP 돌연변이)	5.74E+04	1.72E-05	2.99E-10
IMPI-013	S2	9.33E+04	1.18E-05	1.26E-10
IMPI-013	S1	결합 없음		
IMPI-013	RBD	결합 없음		
IMPI-063	삼량체 (wt)	4.11E+05	9.39E-04	2.29E-09
IMPI-063	S2	9.19E+09	7.77E+00	8.45E-10
IMPI-063	RBD	결합 없음		

[2804] 표 E6-2. S2 결합 중화 항체에 대해 SPR에 의해 측정된 동역학 상수

[2805] S2 결합제 IMPI-013은 S2 도메인에 대한 결합에 고도로 특이적이었다. 삼량체 (야생형 서열 및 안정화된 PP 돌연변이체 형태 둘 다) 및 단리된 S2 도메인에 대한 높은 친화도 결합이 IMPI-013에 대해 관찰되었다. IMPI-013은 전체 단리된 S1 서브유닛 또는 단리된 RBD에 대한 검출가능한 결합을 나타내지 않았다. IMPI-013이 매우 낮은 해리율을 나타낸다는 것이 주목할 만하다. 인상적으로, 센소그램의 관찰은 대다수의 IMPI-013이 결합 후 10분의 해리 기간 동안 장시간 S2 도메인 또는 삼량체와 회합된 채로 남아있다는 것을 나타냈다.

[2806] 제2 S2 결합제인 IMPI-063은 또한 S2 도메인에의 결합에 대해 높은 특이성을 나타냈고, 야생형 스파이크 삼량체 단백질에 결합하였지만, 단리된 RBD 도메인에 대해서는 검출가능한 결합을 나타내지 않았다. 안정화된 스파이크 삼량체 또는 S1 도메인을 갖는 IMPI-063에 대해서는 SPR을 수행하지 않았다.

[2807] 실시예 7. 에피토프 비닝

[2808] 경쟁 연구를 위해, 칩 상에 고정화된 항 hFc 항체를 사용한 CM4 칩 상의 샌드위치 방법을 사용하였다 (즉, 실시예 6에서 사용된 것과 동일한 칩). 먼저, 1 μg/mL의 정제된 CHO-발현된 인간 IgG1 항체를 240초 동안 10 μL/분으로 포획하였다. 이어서, 칩 표면을 800nM 비관련 대조군 인간 항체로 180초 동안 30 μL/분으로 차단하여 칩 표면 상의 나머지 Fc 결합 부위를 차단하였다. 수용체 결합 도메인을 200 nM에서 120초 동안 10 uL/분으로 주사하였다. 이어서, 제2 항체를 200 nM에서 150초 동안 10 μL/분으로 주사하였다. 포획된 제1 항체가 없는 참조 세포를 차감에 사용하였다. 센소그램을 비아코어 인사이트 평가 소프트웨어를 사용하여 분석하였다.

[2809] 항-RBD ACE-2 경쟁자인 IMPI 항체의 선택을 경쟁간에 대해 시험하였다. 항체 IMPI-037은 시험된 다른 항체와 경쟁하지 않았다. 이 항체는 또한 상기 기재된 바와 같은 기능적 검정에서 비교적 낮은 효력을 나타냈다. 따라서, 이 항체는 하나의 "빈"을 나타낸다. 제2 "빈"은 IMPI-006으로 나타내어지며, 이는 이것이 IMPI-004, IMPI-055 및 IMPI-059를 제외한 모든 시험된 항체와 경쟁하였기 때문이다. 제3 "빈"은 모든 다른 항체에 의해 나타내어지며, 이들은 모두 서로 경쟁하였다.

[2810] 항체 IMPI-037이 본 발명에서 특히 관심 대상이다.

[2811] 도 12는 에피토프 비닝 경쟁 연구의 결과를 보여준다.

[2812] 실시예 8. 스파이크 단백질 RBD에의 결합에 대한 ACE2와의 경쟁의 SPR 결정

[2813] RBD에의 결합에 대해 인간 ACE-2와 경쟁하는 항체의 능력을 시험 항체 대신에 인간 ACE2-Fc 융합 단백질을 사용하여 상기 실시예 7에 기재된 프로토콜을 사용하여 SPR에 의해 결정하였다.

	RBD:ACE-2 경쟁
IMPI-004	예
IMPI-029	예
IMPI-056	예
IMPI-047	예
IMPI-005	예
IMPI-006	예
IMPI-055	예
IMPI-054	예
IMPI-017	예
IMPI-059	예
IMPI-037	예
IMPI-060	예
IMPI-028	예
IMPI-027	아니오
IMPI-033	아니오
IMPI-021	예
IMPI-038	아니오
IMPI-024	아니오
IMPI-002	예
IMPI-052	예
IMPI-042	예
IMPI-068	아니오
SAD S35	예

[2814]

[2815] 표 E8-1. RBD에의 결합에 대한 항체와 ACE2와의 경쟁에 대한 SPR 결과.

[2816] 일반적으로, HTRF 연구 (실시예 3)로부터의 예비 결과를 확인하였다. IMPI-004, IMPI-029, IMPI-056, IMPI-047, IMPI-005, IMPI-055, IMPI-054, IMPI-017, IMPI-059, IMPI-037, IMPI-021, IMPI-002, IMPI-052 및 IMPI-042는 모두 둘 다의 유형의 검정에서 ACE2와 경쟁하는 것으로 확인되었다. 추가적으로, 항체 IMPI-028은 SPR에 의해 결정 시 RBD에의 결합에 대해 인간 ACE-2와의 경쟁을 나타냈다.

[2817] 실시예 9. 병소-감소 평가에 의한 SARS-CoV-2 야생형 바이러스 중화 검정

[2818] 항체 IMPI-004, IMPI-013, IMPI-017 및 IMPI-059를 생 SARS-CoV-2를 사용한 중화 검정에서 참조 mAb인 COV2-2196 및 COV2-2130과 비교하였다 (Zost, S. J. et al. Potently neutralizing and protective human antibodies against SARS-CoV-2. Nature 2020 doi.org/10.1038/s41586-020-2548-6). 이들 2종의 대조군 mAb인 COV2-2196 및 COV2-2130은 현재 (2020년 10월) 임상 후보 치료 항체이다.

[2819] IMPI-059는 이 검정에서 26 pM의 IC50으로 가장 강력한 항체였다.

[2820] IMPI-004는 13 ng/ml (86 pM)의 IC50을 가졌다.

[2821] IMPI-017은 49 ng/ml (326 pM)의 IC50을 가졌다.

[2822] S2 서브유닛 결합제인 IMPI-013은 3400 pM (3.4nM)의 IC50을 가졌다.

[2823] 도 13은 이들 결과를 IC50의 로그 스케일로 제시한다.

[2824] 일반적으로, 이 생 바이러스 검정에서 수득된 데이터 (완전한 중화 또는 IC50 값)는 슈도바이러스 중화 검정으로부터의 것과 잘 비교되었다. 절대 IC50 값은 예상된 바와 같이 상이하였지만, 유사한 강력한 중화 프로파일이 관찰되었다.

[2825] 본원에 제시된 데이터 전체에 기초하여, IMPI-059가 모노클로날 조성물로서의 그의 성능에 기초하여 가장 강한 후보 항체를 나타낸다. 이는 항-RBD, ACE2 중화 항체이다. IMPI-004는 다시 모노클로날 조성물로서의 그의 성능에 기초하여, 이 카테고리에서 다음으로 가장 강한 선택을 나타낼 수 있다. IMPI-017은 슈도바이러스 검정에

서 높은 효력 및 100% 중화 생 바이러스 검정에서 우수한 성능을 갖는 항-RBD, ACE2 중화 항체이며, 이는 이것이 흥미로운 항체임을 시사한다. S2 결합제인 IMPI-013도 또한 높은 특이성 및 그의 중화 능력과 커플링되어, 그의 상이한 결합 방식 및 활성의 관점에서 특히 관심 대상이다. 이들 항체의 조합은 상가성을 넘어 강력할 수 있다.

[2826] 물질 및 방법:

[2827] 이 병소 (플라크) 감소 중화 검정을 위해, SARS-CoV-2 빅토리아/01/2020의 계대 4를 사용하여 시험을 수행하였다 (Caly et al. Med. J. Aust. 212, 459-462 2020). 1% FBS를 함유하는 DMEM (D1) 중 바이러스 현탁액을 적절한 농도로 첨가하여 최종 검정 웰에서 대략 100개의 병소를 생성하였다. D1 (60 μl) 중 적절한 농도의 바이러스 현탁액을 24-웰 조직 배양 플레이트의 웰에서 삼중으로 항체 (60 μl)와 혼합하여 10 μgml-1, 2.5 μgml-1, 0.625 μgml-1, 0.156 μgml-1, 0.039 μgml-1, 0.0097 μgml-1, 0.0024 μgml-1, 0.00061 μgml-1, 0.00015 μgml-1, 0.000038 μgml-1 및 0.0000095 μgml-1의 최종 농도를 제공하고, 100% 대조군 웰로서 항체 없는 웰을 사용하였으며, 이들을 실온에서 30분 동안 인큐베이션하였다. 그 후, 50 μl의 항체/바이러스 복합체를 37℃에서 2시간 동안 인큐베이션된 96-웰 조직 배양 플레이트의 웰 내 Vero 세포 단층 내로 이중으로 첨가한 후, 카르복시메틸 셀룰로스 -(1.5%)로 보충된 0.5ml의 D1로 덮었다. 배양물을 37℃에서 추가로 24시간 동안 인큐베이션한 후, 항-NP에 이어서 항-인간 IgG-HRP로 염색하여 병소를 밝혀냈다. NP (핵단백질)는 감염된 세포에 존재하는 SARS-CoV2 특이적 단백질이고, 따라서 감염된 세포를 검출하기 위한 우수한 항체 마커이다. 트루블루 퍼옥시다제 기질을 첨가하고, 감염된 세포의 염색된 병소를 확인하였다 (감염된 세포의 염색된 병소는 5분 내에 명확하게 가시적이어야 함). 100% 대조군 웰 내 병소 플라크의 수 및 각각의 항체 농도에 상응하는 병소 수의 감소를 평가함으로써 IC50을 계산하였다. 결과는 수동으로 분석될 수 있거나 또는 웰 내에 존재하는 병소의 수의 50% 감소를 유발하는 데 요구되는 항체 농도 (IC50)의 내삽 또는 계산을 가능하게 하는 표준 곡선 피팅 방법에 의해 분석될 수 있다.

[2828] 실시예 10. RBD 결합 항체의 에피토프 군집으로의 분류

[2829] 배선 또는 구조적 정보를 사용하여 mAb를 분류한 이전의 연구와 대조적으로, 본원에서는 대신, 분석된 RBD-반응성 mAb를 고처리량 표면 플라즈몬 공명 (HT-SPR, 카르테라(Carterra))에 의해 생성된 경쟁 프로파일에 의해 구별하였다. RBD-지정 항체는 7종의 코어 "군집" (문헌 [Hastie et al., 2021]에 기재된 바와 같음)으로 분류될 수 있으며, 이들은 각각의 mAb의 서로에 대한 경쟁 프로파일에 의해 광범위하게 정의된다. 군집은 다른 클러스터와의 그의 별개의 경쟁 및/또는 ACE2와 경쟁하는 그의 능력에 기초하여 보다 미세한 클러스터 및 빈으로 추가로 나뉠 수 있다. 22종의 IMPI 항체를 에피토프 군집에 배정하였다 (표 E10-1). 에피토프 경쟁 프로파일에 기초하여 15종의 항체를 에피토프 군집 RBD-2에 배정하고, 6종의 항체를 RBD-5에 배정하고, 1종 (IMPI-006)을 RBD-6에 배정하였다.

[2830] 다른 것 대비 각각의 에피토프 군집의 위치를 이해하기 위해, 음성 염색 전자 현미경검사를 상이한 부류에 걸친 대표적인 항체에 대해 수행하여 스파이크 단백질 상의 결합 풋프린트를 결정하였다. 본원에 기재된 항체는 3종의 상이한 부류에 속한다. RBD-2 (군집 2) mAb는 ACE2와 경쟁하고, 일반적으로 RBD가 결합을 위해 "업" 입체형태일 것을 요구한다. 군 2 mAb에 대한 결합 부위는 ACE2 결합 부위의 중심으로부터 수용체 결합 모티프의 피크 쪽으로 이동한다. 대부분의 RBD-2 mAb는 단일 스파이크 삼량체에 2가로 결합한다 (다수의 스파이크 삼량체를 가교시키는 다른 mAb와 대조적으로).

[2831] 에피토프 군집은 또한 항체-매개 중화를 회피하는 특정한 스파이크 돌연변이의 경향을 특징으로 한다. 여러 새로운 SARS-CoV-2 균주가 2020년 후반부터 2021년까지 계속 출현하였으며, 이들 중 일부는 세계 보건 기구 (WHO)에 의해 관심 변이체 (VOC)로서 설계되었다. WHO에 의해 열거된 현재 VOC 균주는 알파 (B.1.1.7), 베타 (B.1.351), 감마 (P.1) 및 델타 (B.1.617.2) 균주이다. 베타 균주 (B.1.351 계통으로도 또한 공지됨)는 남아프리카에서 유래되었고, 항체 및 백신의 결합에 영향을 미칠 수 있는 여러 돌연변이를 함유한다. WA-1 균주 및 VOC 베타/B.1.351을 사용하여 모든 항체를 중화에 대해 시험하였다. RBD-2 내의 대부분의 항체는 베타 균주에 존재하는 돌연변이에 의해 영향을 받았고, 이러한 균주에 대한 중화 효력의 감소를 나타냈다 (표 E10-1).

[2832] 부류 5 (RBD-5) 내의 항체는 RBD의 외부 면에 결합하고, 입체 장애 없이 "업" 또는 "다운" 배위로 결합할 수 있다. RBD-5 mAb는 수용체 결합 모티프로부터 떨어져 S309 항체에 대한 결합 부위 쪽으로 결합하고, ACE-2를 차단하지 않는다. 중화 항체인 RBD-5 mAb는 종종 스파이크 단백질의 가교를 매개하였으며 (Hastie et al., 2021), 이는 ACE-2를 차단하지 않는 이들 항체에 대한 가능한 중화 메카니즘을 제공할 수 있다. RBD-5 mAb는 또한 문헌 [Hastie et al., 2021]에서 분석된 거의 모든 바이러스 돌연변이에 대해 광범위한 내성을

나타냈으며, 이는 이들 mAb가 상이한 변이체 균주에 걸쳐 보다 넓은 반응 범위를 갖기 때문에 임상적으로 보다 유용할 수 있다는 것을 나타낸다. 항체 IMPI-037은 베타 변이체 균주의 강력한 중화를 보유하기 때문에 이것이 특히 흥미롭다.

[2833] RBD-6 부류의 항체 (IMPI-006)는 ACE2를 차단하고 RBD의 내부 면에 결합한다. 이들은 2개의 RBD (결합 RBD 및 인접한 RBD)가 "업" 배위일 것을 요구한다. 수용체 결합 모티프로부터 떨어진 결합 위치로 인해, RBD-6 항체는 또한 VOC에서의 돌연변이에 대해 내성이며 (Hastie et al., 2021), 이는 이들을 광범위한 치료제로서 매력적으로 만든다.

[2834] 항체의 상이한 에피토프 군집으로의 분류는 그의 에피토프 결합 부위에 기초하고, 칵테일로서 함께 조합될 수 있는 mAb를 확인하는 데 중요할 수 있으며, 바이러스 균주 변이에 대해 내성일 가능성이 가장 큰 mAb를 확인한다.

클론 ID	ACE2 차단 (%)	SPR RBD에 대한 결합 (kD, M)	SPR NTD에 대한 결합 (kD, M)	생 바이러스 WA-1 균주 IC50 (ng/mL)	생 바이러스 B.1.351 균주 IC50 (ng/mL)	RBD 결합 에피토프 군집
IMPI-002	100	3.38E-08		17	15670	2
IMPI-004	99.88	8.42E-10	6.53E-07	0.32	nt	2
IMPI-005	100	2.49E-08		11	25000	2
IMPI-006	96.76	1.91E-07		nt	25000	6
IMPI-013	2.43			190	nt	nd (RBD 아님)
IMPI-017	97	2.25E-09	1.05E-06	10	nt	2
IMPI-021	99.62	1.47E-08		3	25000	2
IMPI-022			6.03E-07	18	1609	(RBD 아님)
IMPI-024	17.44	1.16E-09	6.60E-07	1001	1241	5
IMPI-027	46.24	6.31E-09	2.91E-06	1817	5398	5
IMPI-028	100	1.62E-07		66	7435	2
IMPI-029	97.91	4.46E-10	2.19E-07	2	25000	2
IMPI-032				7520	nt	nd (RBD 아님)
IMPI-033	31.24	3.02E-09	1.82E-06	3671	8896	5
IMPI-037	100	2.23E-08		12	0.38	5
IMPI-038	32.21	8.26E-10	4.75E-07	223	5894	5
IMPI-042	99.26	1.87E-09	6.62E-07	12	25000	2
IMPI-047	98.22	6.65E-09	2.32E-06	12	25000	2
IMPI-052	100	2.41E-08		10	3695	2
IMPI-054	99.42	2.06E-09	6.02E-07	15	25000	2
IMPI-055	100	1.85E-09	1.36E-06	0.32	25000	2
IMPI-056	99.55	1.59E-09	6.82E-07	3	25000	2
IMPI-059	100	2.30E-09	1.65E-06	0.32	3935	2
IMPI-060	100	1.41E-07		171	nt	2
IMPI-063	4.46			10399	nt	nd (RBD 아님)
IMPI-067			8.45E-08	2	25000	nd (RBD 아님)
IMPI-068	33.87	9.47E-09	2.57E-06	2541	4507	5

[2835]

[2836] 표 E10-1: 항체를 상이한 군집으로 카테고리화하는 데 사용된 검정 데이터

[2837] K_D: 평형 해리 상수.

[2838] nt: 시험되지 않음. 에피토프 군집 결정을 위해, 이들 항체 (IMPI-067, IMPI-063, IMPI-022, IMPI-032, IMPI-013)는 RBD 결합이 아니었고, RBD 결합 빈에 배정될 수 없었다.

[2839] 물질 및 방법

[2840] 고처리량 SPR 결합 동역학

[2841] 25℃에서 HC30M 센서 칩 (카르테라)을 사용하여 카르테라 LSA 플랫폼 상에서 결합 동역학 측정을 수행하였다. 2개의 마이크로유체 모듈인 96-채널 프린트-헤드 (96PH) 및 단일 유동 셀 (SFC)을 사용하여 액체를 센서 칩 상으로 전달하였다. 각각의 검정에서, 단일 분석물을 다수의 CoVIC 항체 구축물에 대해 적정하였다. 전체 세부사항은 문헌 [Hastie et al., 2021]에 기재되어 있다.

[2842] 염소 항-인간 IgG Fc 2차 항체를 먼저 아민-커플링을 통해 칩 상에 고정화시켰다. 간략하게, 칩을 먼저 100 mM N-히드록시숙신이미드 (NHS) 및 400mM 1-에틸-3-(3-디메틸아미노프로필) 카르보디이미드 히드로클로라이드 (EDC) (지이 헬스케어, 0.1 M MES 완충제 (pH 5.5)와 1:1:1로 혼합됨)에 의해 600초 동안 활성화시키고, 이어

서 항-Hu IgG Fc (pH .5의 10mM 아세트산나트륨 중)를 50μg/ml로 900초 동안 고정화시켰다. 비반응성 에스테르를 pH 8.5의 1 M 에탄올아민-HCl의 600초 주사로 켄칭하였다. 이어서, 칩을 pH 2.0의 10 mM 글리신의 이중 펄스 (펄스당 30초)에 노출시켰다. 이어서, IgG 항체를 실행 완충제로서의 1X HBSTE 완충제 (10 mM HEPES pH 7.4, 150mM NaCl, 3mM EDTA 및 0.01% 트윈-20) 및 항체 희석제와 함께 96PH를 사용하여 600초 동안 5μg/ml로 항-Hu IgG Fc에 의해 포획하였다. 주어진 희석된 농도의 각각의 항체 구축물을 동일한 칩의 8개의 개별 스팟 상에 고정화시켜, 복제 결합 동역학 측정을 가능하게 하였다.

[2843] 항원의 2배의 일련의 희석물을 1x HBSTE 완충제 중에서 제조하였다. RBD, NTD 및 D614-헥사프로에 대한 최고 농도는 각각 40μg/ml (1.11μM), 320 μg/ml (5.71μM) 및 100μg/ml (0.181μM)였다. 단일 항원을 각각의 검정에 사용하였다. 이어서, 상이한 농도의 항원을 SFC를 사용하여 칩 표면 상에 재생 없이 최저에서 최고 농도로 주사하고, 또한 신호 안정화를 위해 0이 아닌 최저 농도 전에 완충제를 수회 주사하였다. 각각의 농도에 대해, 42 기준선, 회합 및 해리에 대한 데이터 수집 시간-길이는 각각 120초, 300초 및 900초였다. 모든 검정에 대해, 적정을 위한 실행 완충제는 1X HBSTE였다. 수집된 적정 데이터를 먼저 참조 차감, 완충제 차감 및 데이터 평활화를 포함하여, 넥스트젠키트(NextGenKIT) (카르테라) 소프트웨어에서 사전-처리하였다. 이어서, 데이터를 내보내고, 적정분석 도구를 사용하여 분석하였다. 상이한 스폿 상에 고정화된 각각의 항체 구축물에 대한 RBD, NTD 및 D614-헥사프로 결합 시간 경과를 1:1 랭뮤어 모델에 피팅하여 ka, kd 및 KD 값을 유도하였다.

[2844] 고처리량 SPR 에피토프 비닝

[2845] 25℃에서 CMDP 센서 칩이 장착된 카르테라 LSA®HT-SPR 기기 상에서 HBSTE-BSA 실행 완충제 (10 mM HEPES pH 7.4, 150 mM NaCl, 3 mM EDTA, 0.05% 트윈-20, 0.5 mg/ml BSA로 보충됨) 중에서 전형적 샌드위치 검정 포맷으로 에피토프 비닝을 수행하였다. 2개의 마이크로유체 모듈인 96-채널 프린트-헤드 (96PH) 및 단일 유동 셀 (SFC)을 사용하여 샘플을 센서 칩 상으로 전달하였다. 실행 완충제로서 0.05% 트윈-20을 함유한 25 mM MES pH 5.5로 표면 제조를 수행하였다. SFC를 사용하여 0.1 M MES pH 5.5 중 130 mM 1-에틸-3-(3-디메틸아미노프로필)카르보디이미드 (EDC) + 33 mM N-히드록시술포숙신이미드 (술포-NHS)의 새로 제조된 용액으로 칩을 활성화시켰다. 항체를 10 mM 아세트산나트륨 (pH 4.25) 중에 희석된 10 μg/mL로 10분 동안 96PH를 사용하여 고정화시켰다. 비반응성 에스테르를 SFC를 사용하여 1 M 에탄올아민-HCl (pH 8.5)의 7분 주사로 켄칭하였다. 실행 완충제로서의 HBSTE-BSA 완충제 및 샘플 희석제를 사용하여 이 어레이 상에서 비닝 분석을 수행하였다. RBD 항원을 각각의 사이클에서 50 nM (1.8 μg/mL)로 4분 동안 주사한 직후에 분석물 항체를 30 μg/mL (IgG 구축물에 대해 200 nM)로 4분 주사하였다. 표면을 각각의 사이클에서 10 mM 글리신 pH 2.0의 이중 펄스 (펄스당 17초)로 재생시켰다. 데이터를 에피토프(Epitope)®768 소프트웨어 (카르테라)로 처리하고 분석하였다.

[2846] 항체 결합 영역을 규정하기 위한 음성-염색 EM

[2847] 전체 세부사항은 문헌 [Hastie et al., 2021]에 기재되어 있다. EM 연구를 위해 IdeS (프로메가) 또는 파파인 (시그마)을 사용하여 Fab를 수득하고, 모노큐 칼럼 (지이)을 사용하여 이온 교환 크로마토그래피에 의해 정제하였다. Fab (70 μg) 또는 IgG (140 μg)를 실온에서 밤새 TBS 완충제 중 140 μg 정제된 헥사프로 D614G 스파이크 엑토도메인과 함께 인큐베이션하였다. 인큐베이션 용액 중 스파이크 또는 IgG의 최종 농도는 ~0.25 μg/μL였다. 스파이크-항체 복합체를 슈퍼덱스 6 증가 10/300 칼럼 (지이)이 구비된 SEC에 의해 정제하고, SDS-PAGE에 의해 확인하였다. 각각의 복합체에 대해, 4 μL의 샘플 (~0.02 mg/mL)을 CF400-Cu 음성-염색 그리드 (일렉트론 마이크로스코피 사이언시스(Electron Microscopy Sciences))에 적용하고, 0.75% 우라닐 포르메이트 (일렉트론 마이크로스코피 사이언시스)로 염색하였다. 티탄 할로 전자 현미경 (써모 피셔) 및 팔콘(Falcon) 3EC 직접 전자 검출기를 사용하여 58,000X의 배율로 각각의 샘플에 대해 50 내지 400개의 현미경사진을 수집하였다. CryoSPARC를 사용하여 EM-맵 재구축을 수행하고, 맵을 정렬하고, 키메라 X를 사용하여 디스플레이하였다. 구체적으로, 항체 결합 영역 확인을 위해 NS-EM 맵에 상이한 RBD 상태 (1개의 RBD 업: PDB:7A94; 2개의 RBD 업: PDB:7DCX; 및 3개의 RBD 업: PDB:7K4N)를 갖는 모델을 피팅하였다.

[2848] ACE2-차단 검정

[2849] 옥테트 HTX 기기 (사르토리우스(Sartorius))에서 아민 반응성 제2 세대 (AR2G) 바이오센서 (사르토리우스) 상에 SARS-CoV-2 RBD 및 인간 혈청 알부민 (HSA) (비-특이적 상호작용으로 인한 반응 차감에 대한 참조)을 공유적으로 고정화시킴으로써 생물층 간섭측정법 (BLI)을 사용하여 ACE2 차단을 측정하였다. 데이터 분석 HT 12.0 (CFR11) 소프트웨어 (사르토리우스)를 사용하여 데이터를 분석하였다. 분자 생물학 등급 물 중 EDC (1-에틸-3-[3-디메틸아미노프로필] 카르보디이미드 히드로클로라이드) 및 s-NHS (N-히드록시술포숙신이미드)의 새로 제조

된 용액으로 바이오센서를 활성화시켰다. RBD 및 HAS를 10 mM 아세트산나트륨 pH 5 완충제 중에 희석하고, Δλ = 0.7 nm를 초과하지 않는 로딩 밀도 한계값으로 96개의 개별 센서 상에 고정화시켰다.

[2850] 센서의 표면 상의 비반응성 NHS 에스테르를 1M 에탄올아민 pH 8.5로 켄칭하였다. 항체 및 ACE2 결합은 RBD 및 HSA 로딩된 바이오센서를 20 μg/ml의 항체를 함유하는 웰 플레이트 내로 침지시킨 후에 27.5 μg/ml의 재조합 ACE2 (인간 IgGFc 융합됨)의 용액 내로 침지시켜 (각각 5분 동안) 순차적으로 수행하였다. 항체 및 ACE2 용액을 제조하는 데 사용된 희석제는 1x 동역학 완충제 (사르토리우스)였다.

[2851] 고정화된 RBD에 대한 ACE2 결합을 RBD에 사전-결합된 항체의 부재 및 존재 하에 실시간으로 모니터링하였다. CoVIC 참조 mAb인 CC12.3 및 CC12.14 및 대조군 SARS-CoV-2 스파이크 중화 mAb (시노 바이올로지칼)를 양성 대조군으로서 각각의 실험에 포함시켰다. 퍼센트 ACE2 차단을 어떠한 항체로도 처리되지 않은 (항체 대신 1x 동역학 완충제) RBD에 대한 ACE2 결합과 비교하여 RBD에 사전-결합된 항체로 인한 ACE2 결합의 감소 백분율로서 계산하였다. 항체 비처리 RBD에 대한 ACE2 결합의 평균을 0% 차단으로서 설정하였다. CoVIC 항체에 대해 제시된 ACE2 차단 백분율은 삼중 측정치의 평균이다. 전체 세부사항은 문헌 [Hastie et al., 2021]을 참조한다.

[2852] 변이체 균주의 생 바이러스 중화

[2853] 문헌 [Hou et al. 2020]에 기재된 것과 유사한 방법을 사용하여 mAb에 의한 D614G (WA-1 균주) 및 B.1.351을 보유하는 진정한 SARS-CoV-2의 중화를 평가하였다. BSL-3 봉쇄 하에, 8개 농도의 연속-희석된 mAb를 800 PFU/웰 nLuc 바이러스와 함께 5% CO_2 및 37℃에서 1시간 동안 인큐베이션하였다. 인큐베이션 후에, 바이러스/항체 혼합물을 Vero E6/C1008 세포를 함유하는 흑색-벽 96-웰 플레이트 (2 x 10^4개 세포/웰)에 이중으로 첨가하였다. 각각의 플레이트는 또한 바이러스-단독 대조군 웰을 함유한다. 플레이트를 37℃, 5% CO_2에서 24시간 동안 인큐베이션하고, 세포를 용해시킨 후, 나노-글로 루시페라제 검정 시스템 (프로메가)을 제조업체의 지침서에 따라 사용하여 루시페라제 활성을 측정하였다. 중화 활성은 관찰된 상대 광 단위 (RLU)가 바이러스-단독 대조군 웰에 비해 50%만큼 감소되는 농도로서 표현된다.

[2854] 참고문헌:

[2855] Hastie KM, Li H, Bedinger D, Schendel SL, Dennison SM, Li K, Rayaprolu V, Yu X, Mann C, Zandonatti M, Diaz Avalos R, Zyla D, Buck T, Hui S, Shaffer K, Hariharan C, Yin J, Olmedillas E, Enriquez A, Parekh D, Abraha M, Feeney E, Horn GQ; CoVIC-DB team1, Aldon Y, Ali H, Aracic S, Cobb RR, Federman RS, Fernandez JM, Glanville J, Green R, Grigoryan G, Lujan Hernandez AG, Ho DD, Huang KA, Ingraham J, Jiang W, Kellam P, Kim C, Kim M, Kim HM, Kong C, Krebs SJ, Lan F, Lang G, Lee S, Leung CL, Liu J, Lu Y, MacCamy A, McGuire AT, Palser AL, Rabbitts TH, Rikhtegaran Tehrani Z, Sajadi MM, Sanders RW, Sato AK, Schweizer L, Seo J, Shen B, Snitselaar JJ, Stamatatos L, Tan Y, Tomic MT, van Gils MJ, Youssef S, Yu J, Yuan TZ, Zhang Q, Peters B, Tomaras GD, Germann T, Saphire EO. Defining variant-resistant epitopes targeted by SARS-CoV-2 antibodies: A global consortium study. Science. 2021 Sep 23:eabh2315. doi: 10.1126/science.abh2315. Epub ahead of print. PMID: 34554826.

[2856] Hou YJ, Okuda K, Edwards CE, Martinez DR, Asakura T, Dinnon KH 3rd, Kato T, Lee RE, Yount BL, Mascenik TM, Chen G, Olivier KN, Ghio A, Tse LV, Leist SR, Gralinski LE, Schaefer A, Dang H, Gilmore R, Nakano S, Sun L, Fulcher ML, Livraghi-Butrico A, Nicely NI, Cameron M, Cameron C, Kelvin DJ, de Silva A, Margolis DM, Markmann A, Bartelt L, Zumwalt R, Martinez FJ, Salvatore SP, Borczuk A, Tata PR, Sontake V, Kimple A, Jaspers I, O'Neal WK, Randell SH, Boucher RC, Baric RS. SARS-CoV-2 Reverse Genetics Reveals a Variable Infection Gradient in the Respiratory Tract. Cell. 2020 Jul 23;182(2):429-446.e14. doi: 10.1016/j.cell.2020.05.042. Epub 2020 May 27. PMID: 32526206; PMCID: PMC7250779.

[2857] 실시예 11: K18 hACE2 트랜스제닉 마우스 모델에서의 생체내 보호

[2858] IMPI 항체의 하위세트를 K18 트랜스제닉 마우스 모델을 사용하여 SARS-CoV-2 생 바이러스에 대한 생체내 활성에 대해 시험하였다. 이들 마우스를 SARS-CoV-2에 대한 진입 수용체인 인간 안지오텐신 전환 효소 2 (hACE2)를 발현하도록 조작하여, 이들을 SARS-CoV-2 감염에 감수성으로 만든다. 감염에 사용된 바이러스 균주는 SARS-CoV-2 USA-WA1/2020이며, 이는 미국에서 2020년 1월에 단리되었고, 미국에 대한 SARS-CoV-2 참조 균주로서의 역할을 한다.

[2859] 항체를 감염 1일 전에 항체당 10마리 마우스의 군에 투여하였다. 결과를 감염 10일 후에 생존한 마우스의 백분

율로서 표현하였다. 대조군 마우스 (PBS로 주사됨)는 0% 생존을 나타냈다.

[2860] 12종의 항체는 이 검정에서 10% 내지 100% 범위의 생존으로 활성을 나타냈다 (표 E11-1). 3종의 항체가 특히 강력한 생체내 활성을 나타냈다: IMPI-055 및 IMPI-004는 80% 보호를 제공하였고, IMPI-037은 1.5mg/ml에서 100% 보호를 나타냈다. IMPI-037은 이 항체가 생체내에서 강한 중화 활성을 나타내고, 실시예 10에 기재된 바와 같이 베타 바이러스 균주에 존재하는 돌연변이에 대해 내성을 갖기 때문에 특별한 관심 대상이다. IMPI-037은 에피토프 군집 RBD-5 내의 것이고 (실시예 10 참조), 이 군 내의 다른 항체는 또한 유사한 특성을 가질 수 있다.

[2861]

클론	생체내 K18 (0.5 mg/mL) % 생존	생체내 K18 (1.5 mg/mL) % 생존
IMPI-004	10	80
IMPI-017	nt	30
IMPI-021	nt	20
IMPI-022	60	nt
IMPI-029	50	nt
IMPI-037	nt	100
IMPI-054	10	nt
IMPI-055	80	nt
IMPI-056	20	nt
IMPI-059	10	nt
IMPI-063	20	nt
IMPI-067	20	40

[2862] nt: 시험되지 않음

[2863] 표 E11-1: K18 hACE2 트랜스제닉 마우스 모델에서의 SARS-CoV-2에 대한 항체의 생체내 활성

[2864] 물질 및 방법

[2865] 문헌 [Oladunni et al., 2020]에 기재된 바와 같이 텍사스 바이오메디칼 리서치 인스티튜트(Texas Biomedical Research Institute)에서 실험을 수행하였다. 간략하게, SARS-CoV-2, USA-WA1/2020 균주 (진 뱅크: MN985325.1)를 BEI 리소시스(BEI Resources) (NR-52281)로부터 입수하고, 바이러스 스톡을 Vero E6 세포 (ATCC, CRL-1586)에서 제조하였다. 바이러스 스톡을 Vero E6 세포에서 표준 플라크 검정 (PFU/ml)에 의해 적정하고, 차세대 서열분석을 사용하여 검증하였다. K18 인간 안지오텐신 전환 효소 2 (hACE2) 트랜스제닉 마우스인 B6.Cg-Tg(K18-ACE2)2Prlmn/J (스톡 번호: 034860, K18 hACE2)를 더 잭슨 래보러토리(The Jackson Laboratory) (미국 메인주 바 하버)로부터 구입하였다.

[2866] K18 hACE2 트랜스제닉 및 WT C57BL/6 마우스를 이소플루란 진정 후 50 μl의 최종 부피 중 1 x 10^5 PFU의 SARS-CoV-2로 비강내로 (i.n.) 감염시키거나 또는 모의 (PBS)-감염시켰다 (대조군). 바이러스 감염 후, 마우스를 이환율 (체중) 및 사망률 (생존)에 대해 매일 모니터링하였다. 초기 체중의 >25% 손실을 나타내는 마우스를 실험 종점에 도달한 것으로 정의하고, 인도적으로 사멸시켰다.

[2867] 항체를 감염 1일 전에 항체당 10마리 마우스의 군을 사용하여 0.5mg/mL 또는 1.5mg/mL의 용량을 사용하여 투여하고, 결과를 감염 10일 후에 생존한 10마리 동물 대비 백분율로서 제시하였다.

[2868] 참고문헌:

[2869] Oladunni FS, Park JG, Pino PA, Gonzalez O, Akhter A, Allue-Guardia A, Olmo-Fontanez A, Gautam S, Garcia-Vilanova A, Ye C, Chiem K, Headley C, Dwivedi V, Parodi LM, Alfson KJ, Staples HM, Schami A, Garcia JI, Whigham A, Platt RN 2nd, Gazi M, Martinez J, Chuba C, Earley S, Rodriguez OH, Mdaki SD, Kavelish KN, Escalona R, Hallam CRA, Christie C, Patterson JL, Anderson TJC, Carrion R Jr, Dick EJ Jr, Hall-Ursone S, Schlesinger LS, Alvarez X, Kaushal D, Giavedoni LD, Turner J, Martinez-Sobrido L, Torrelles JB. Lethality of SARS-CoV-2 infection in K18 human angiotensin-converting enzyme 2 transgenic mice. Nat Commun. 2020 Nov 30;11(1):6122. doi: 10.1038/s41467-020-19891-7. PMID: 33257679;

PMCID: PMC7705712.

[2870] 실시예 12: 마우스 면역화, 샘플 수집 및 혈청 역가

[2871] 추가의 연구에서, 인간 중쇄 및 경쇄 유전자 절편을 함유하는 트랜스제닉 이뮤노글로불린 유전자좌를 갖는 키맙 마우스를 다양한 면역화 요법 및 면역원성 포맷의 SARS-CoV-2 스파이크로 면역화하고, 항원-특이적 B 세포를 면역화된 마우스로부터 선택하였다. 비장 및 림프절 샘플로부터의 단일 B 세포를 항원 특이적 프로브를 사용하여 분류하였다.

[2872] 면역원성 포맷은 (i) 전장 스파이크를 코딩하는 핵산 또는 (ii) 푸린 절단 부위 돌연변이 (잔기 682-685에서의 GSAS 치환)를 갖는 전장 스파이크 단백질을 코딩하는 핵산을 포함하였다. 사용된 분류 프로브는 푸린 절단 부위 돌연변이, 이중 프롤린 돌연변이 및 C-말단 T4 피브리틴 (폴드온) 삼량체화 모티프를 포함하는 가용성 삼량체 스파이크 세포외 도메인 단백질 및 숙주 세포로부터 생성된 녹색 형광 단백질 (GFP) 바이러스 유사 입자 (VLP) 상에 푸린 절단 부위 돌연변이 및 이중 프롤린 돌연변이가 제시된 전장 삼량체 스파이크 단백질이었다.

[2873] 제1 연구에서, 면역화된 마우스로부터의 B 세포 분류 후에 9,430개의 항원 특이적 B-세포를 회수하였다. 이들 B-세포 중 303개로부터, 완전 항체 중쇄 및 경쇄 코딩 핵산을 회수하고, 스크리닝에 사용하기 위해 포유동물 숙주 세포에서 완전 인간 IgG1 항체로서 발현시켰다.

[2874] 제2 연구에서, 면역화된 마우스로부터의 B 세포 분류 후에 10,332개의 항원 특이적 B 세포를 회수하고, 이들 B-세포 중 299개로부터, 완전 항체 중쇄 및 경쇄 코딩 핵산을 회수하고, 스크리닝에 사용하기 위해 포유동물 숙주 세포에서 완전 인간 IgG1 항체로서 발현시켰다.

[2875] 스크리닝에 사용된 모든 항체는 완전 인간 IgG1로서 발현되었다.

[2876] 항원/면역원 제조

[2877] B 세포의 분류에 사용하기 위한 정제된 단백질을 생성하기 위해, 푸린 절단 부위 돌연변이 (잔기 682-685에서의 GSAS 치환) 및 안정화 이중 프롤린 (PP) 돌연변이 (K986 및 V987)를 함유하는 삼량체 스파이크 단백질의 ECD를 코딩하는 DNA 서열을 생성하였다. 코딩 서열을 N-말단 리더 서열 및 C-말단 T4 피브리틴 (폴드온) 삼량체화 모티프 및 His 태그와 융합시키고, 포유동물 발현을 위해 코돈 최적화하고, Expi293F 세포에서 발현시켰다. 단백질을 HisTrap HP 칼럼에 의해 순차적으로 정제하였다. 정제된 단백질을 결합 검정에 의해 분석한 다음, 분취하고, 4℃에서 저장하였다.

[2878] 다양한 항원 발현의 안정한 세포주를 상이한 목적을 위해 생성하였다. 항원 DNA 서열을, 세포 게놈 내로의 안정한 통합을 용이하게 하는 3' 및 5' 피기백 특이적 말단 반복 서열이 플랭킹된 CMV 프로모터의 제어 하의 발현 벡터 내로 클로닝하였다. 발현 벡터는 안정한 세포주 생성을 용이하게 하는 퓨로마이신 선택 카세트를 함유하였다. 구축물을 Expi293F 세포주 또는 HEK293T 세포주 내로 형질감염시키고, 퓨로마이신 선택 하에 2주 동안 배양하고, 모노클로날 항체를 사용하여 항원 표면 발현에 대해 검사하기 위해 유동 세포측정법을 사용함으로써 스파이크 발현을 검증하였다. PP 안정화된 푸린 돌연변이된 삼량체 스파이크와 레트로바이러스 군 항원 (gag) 단백질을 안정하게 공동-발현하는 Expi293F 세포로부터 VLP를 생성하고, 특이적 B 세포를 분류하는 데 사용하였다.

[2879]

세포주	발현 항원
293T - WT 스파이크	전장 스파이크 단백질
293T - WT 스파이크, RFP	전장 스파이크 단백질, 적색 형광 단백질
293T - 스파이크 FM, 18d	푸린 절단 부위 돌연변이 및 C-말단 보유 서열 18개 아미노산 결실을 갖는 전장 스파이크 단백질
293T - hACE2, TMPRSS2	전장 인간 ACE2, 전장 인간 TMPRSS2
293T - hACE2, TMPRSS2, EGFP	전장 인간 ACE2, 전장 인간 TMPRSS2, 증강 녹색 형광 단백질
Expi293F - 스파이크 FM, 2P, 18d	푸린 절단 부위 돌연변이, 이중 프롤린 돌연변이 및 C-말단 보유 서열 18개 아미노산 결실을 갖는 전장 스파이크 단백질
Expi293F - 스파이크 ECD	Q1208에서 종결되고, 푸린 절단 부위 돌연변이 및 이중 프롤린 돌연변이, 이어서 T4 피브리틴 (폴드온) 삼량체화 모티프 및 6xHis 태그를 갖는 스파이크 단백질의 세포외 도메인
Expi293F - hACE2 ECD	S740에서 종결되고, 이어서 6xHis 태그를 갖는 인간 ACE2의 세포외 도메인

[2880] 표 E12-1: 안정한 세포주 및 발현 항원

[2881] 실시예 13: 세포 결합 검정 (1차 스크린)

[2882] 회수된 항체 (실시예 12 참조)의 스파이크 단백질 발현 세포에 대한 결합을 유동 세포측정 분석에 의해 검출하였다. 모든 항체를 스파이크 단백질에의 결합에 대해 5 ug/mL에서 단일 포인트 검정으로 시험하였다. 참조 mAb A를 각각의 검정에서 염색을 위한 양성 대조군으로서 포함시켰다. 2가지 버전의 스파이크-발현 세포주인 푸린 돌연변이된 스파이크 (Expi293F-스파이크 FM, 2P, 18d) 및 WT 스파이크에 대한 항체의 결합을 개별적으로 시험하였다.

[2883] 실시예 12로부터의 602개의 선택된 항체를 스크리닝하였다. 이들 중에서, 508개는 푸린 돌연변이된 스파이크 (Expi293F-스파이크 FM, 2P, 18d)에 대한 양성 결합제였고, 499개는 WT 스파이크에 대한 양성 결합을 나타냈다. 이 세포-기반 검정을 통과하기 위한 기준은 시험된 항체의 기하 평균이 이소형 대조군의 평균 기하 평균 플러스 3배의 표준 편차에 의해 설정된 한계값을 초과하는 것이었다.

[2884] 물질 및 방법

[2885] 인간 IgG1 중쇄 및 경쇄를 코딩하는 발현 벡터로 형질감염된 현탁 Expi293F 세포로부터 수집된 상청액을 세포 표면 상에 발현된 스파이크 단백질에의 결합에 대해 스크리닝하였다. 2가지 버전의 스파이크 발현 세포주인 돌연변이된 스파이크 및 WT 스파이크를 이 스크리닝에 사용하였다. FACS 완충제 (PBS (코닝(Corning) 21-040-CMR), 1% BSA (시그마 SI-A7906-100G), 2mM EDTA (제이.티. 베이커(J.T. Baker) 4040-01)) 중에 재현탁된 세포주로부터의 2만개 세포를 96-웰 V 바닥 플레이트 (그라이너 651901)에 각각의 웰 내로 플레이팅하고, 15 ug/ml로부터 출발하여 3배 10 포인트의 희석으로 참조 mAb A 또는 5 ug/mL로 정규화된 50 uL의 수집된 상청액과 함께 얼음 상에서 1시간 동안 인큐베이션하였다. 2차 항체에 의한 검출 전에, 샘플을 FACS 완충제로 1회 세척하여 여분의 또는 비-결합 항체를 제거하였다. 항-hIgG-AF647 (잭슨 이뮤노리서치 109-606-170)을 검출 항체로서 2 ug/mL의 최종 농도로 사용하였다. 샘플을 검출 항체와 함께 암실 내 얼음 상에서 추가의 30분 동안 인큐베이션한 후에 FACS 완충제로 1회 세척하였다. 이어서, 세포를 2% 파라포름알데히드 (PBS (코닝 21-040-CMR), 4% 파라포름알데히드 (알파 에이사(Alfa Aesar) J61899)로 실온에서 15분 동안 고정시켰다. 샘플을 2mM EDTA PBS 완충제 (PBS (코닝 21-040-CMR), EDTA (제이.티.베이커 4040-01)) 중에 재현탁시킨 후에 시토플렉스 (베크만 쿨터(Beckman Coulter)) 상에서 분석하였다. AF647 형광색소의 강도를 획득하고, 하류 분석을 위해 형광의 기하 평균으로 계산하였다.

[2886] 실시예 14: HTRF에 의한 항체 결합

[2887] 회수된 항체 (실시예 12 참조)의 정제된 스파이크 단백질에의 결합을 확립하기 위한 1차 스크리닝에 HTRF 검정을 사용하였다. 모든 항체를 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3), NTD 서브유닛 (아크로 바이오시스템즈 S1D-C52H6) 및 S2 서브유닛 (아크로 바이오시스템즈 S2N-C52H5)에의 결합에 대해 0.5 μg/mL에서 초기 단일 포인트 검정으로 스크리닝하였다.

[2888] HTRF 1차 스크린을 통과하기 위한 기준은 항체가 표 E14-1에 제시된 ΔF 값으로 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인, NTD 서브유닛 및 S2 서브유닛에 결합하는 것이었다.

[2889]

	스크리닝 배치 1: 303개 클론		스크리닝 배치 2: 299개 클론	
검정	선택 기준	히트 수	선택 기준	히트 수
RBD	델타 F > 11	120	델타 F > 9.5	69
NTD	델타 F > 7	73	델타 F > 5	93
S2	델타 F > 30	54	델타 F > 4.2	129

[2890] 표 E14-1. RBD, NTD 및 S2 서브유닛에의 결합에 대한 1차 스크리닝 선택 기준을 충족하는 클론의 수의 요약. 표는 스크리닝된 항체의 수, 양성 히트의 수 및 연관된 컷-오프 값을 상술한다.

[2891] 이들 데이터에 기초하여, 본 발명자들은 RBD, NTD 또는 S2 서브유닛에 대한 HTRF 결합 기준을 충족하는 클론을 특징화하였다. 이들 항체 클론의 선택에 대한 결합 데이터 (델타 F로서 제시됨)가 표 E14-2에 제시된다.

클론	RBD 결합	NTD 결합	S2 결합
YANG-1112	1790.31	2.23	6.22
YANG-1301	24.45	560.30	11.65
YANG-1302	-2.72	1255.41	28.18
YANG-1401	1124.53	137.53	6.56
YANG-2107	1853.07	2.40	-2.19
YANG-2108	2124.30	-5.78	-7.69
YANG-2111	858.86	-0.02	-2.48
YANG-2203	6.05	3.20	2247.39
YANG-2204	-3.24	-6.44	1988.25
YANG-2205	-0.88	-2.91	1952.91
YANG-2206	-4.93	-3.96	2117.65
YANG-2207	7.00	2.37	1631.78
YANG-2208	5.09	-0.40	2124.64
YANG-2301	-4.07	715.56	-1.50
YANG-2302	-3.86	913.80	6.63
YANG-2303	0.38	1229.03	-1.33

[2892]

[2893] 표 E14-2: SARS-CoV-2 스파이크 단백질 서브유닛에 대한 HTRF 결합. 대표적인 항체 클론의 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인, NTD 및 S2 서브유닛에의 결합에 대한 HTRF 델타 F 값.

[2894] 물질 및 방법

[2895] 인간 IgG1 중쇄 및 경쇄를 코딩하는 발현 벡터로 형질감염된 현탁 Expi293 세포로부터 수집된 상청액을 SARS-CoV-2 바이러스의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3), NTD 서브유닛 (아크로 바이오시스템즈 S1D-C52H6) 및 S2 서브유닛 (아크로 바이오시스템즈 S2N-C52H5)에의 결합에 대해 스크리닝하였다. 모든 구입한 단백질을 HTRF 검정을 위해 AF647로 사내 표지하였다. 0.5μg/mL로 정규화된 5μL/웰의 상청액을 384 웰 백색 HTRF 플레이트 (그라이너 784904-012) 내로 플레이팅하였다. 5μL/웰의 양성 대조군 (RBD 결합 검정을 위한 사내 생산된 mAb A; NTD 결합 검정을 위한 레인코 테크놀로지스(Leinco Technologies) 항-SARS-COV-2 스파이크 NTD LT2000; S2 결합 검정을 위한 IMPI-013) 및 음성 대조군 (비-결합 인간 IgG1, 사내) 항체를 요구되는 웰에 Expi293 발현 배지 (깁코 A1435-01) 중에 첨가하여 1nM의 최종 농도를 제공하였다. HTRF 완충제 (PBS (코닝, 21-040-CMR), 0.1% BSA (시그마 SI-A7906), 0.53M KF (시그마, UR-42216-500G)) 중에 80nM로 희석된 RBD, 80nM로 희석된 NTD 또는 80nM로 희석된 S2 5μL/웰을 상청액 상단에 첨가하여 20nM의 최종 농도를 제공하였다. HTRF 완충제 중에 0.25 ug/mL로 희석된 폴리클로날 Ab 항-인간 IgG-Eu 크립테이트 (시스바이오 61HFCKLB) 10μL/웰을 웰에 첨가하였다. 플레이트를 실온에 두고, RBD, NTD 및 S2 결합 검정을 위해 암실에서 3시간 동안 인큐베이션하였다. 이어서, 플레이트를 클라리오스타 (BMG 랩테크(BMG Labtech)) 상에서 330nm 여기를 사용하고 620 및 670 nm에서 방출을 검출하여 판독하였다.

[2896] 실시예 15: HTRF RBD:ACE2 중화 검정

[2897] 회수된 항체 (실시예 12 참조)가 SARS-CoV-2 바이러스의 스파이크 단백질의 RBD 도메인과 그의 리간드인 인간 ACE2 단백질 사이의 결합을 중화시키는 능력을 스크리닝하기 위해 HTRF 검정을 설계하였다. 모든 항체를 상청액으로서 10 ug/mL의 단일 농도에서 스크리닝하였다.

[2898] 실시예 12로부터의 602개의 선택된 항체를 스크리닝하였으며, 51개의 클론이 이 검정에서 < 50% 효과의 기준에 기초하여 중화 활성을 나타냈다.

[2899] 물질 및 방법

[2900] 상기와 같이 인간 IgG1 중쇄 및 경쇄를 코딩하는 발현 벡터로 형질감염된 현탁 Expi293F로부터 수집된 상청액을 SARS-CoV-2 바이러스의 스파이크 단백질의 RBD 도메인 (아크로 바이오시스템즈 SPD-C52H3)과 그의 리간드인 인간 ACE2 단백질 (본원에서 알렉사 플루오르 647로 직접 표지됨) 사이의 결합을 중화시키는 것에 대해 스크리닝하였다. 10 μg/mL로 정규화된 5μL/웰의 상청액을 384 웰 백색 HTRF 플레이트 (그라이너 784904-012) 내로 플레이팅하였다. 5μL/웰의 양성 (mAB A) 및 음성 대조군 (비-결합 인간 IgG1, 사내) 항체를 요구되는 웰에 Expi293 발현 배지 (깁코 A1435-01) 중에 첨가하였다. 양성 및 음성 대조군 항체를 40nM로 첨가하여 10nM의 최

종 농도를 제공하였다. HTRF 완충제 (PBS (코닝, 21-040-CMR), 0.1% BSA (시그마 SI-A7906), 0.53M KF (시그마, UR-42216-500G)) 중에 40nM로 희석된 RBD 단백질 5㎕/웰을 상청액 상단에 첨가하여 10nM의 최종 농도를 제공하였다. 실온에서 30분 인큐베이션 후, 5 nM의 최종 농도를 제공하도록 HTRF 완충제 중에 20nM로 희석된 AF647-표지된 인간 ACE2 5㎕/웰을 웰에 첨가하고, 이어서 1시간 후, HTRF 완충제 중에 5.3nM으로 희석된 항-히스티딘 유로퓸 크립테이트 모노클로날 항체 (시스바이오 61HISKLB) 5 ㎕/웰을 웰에 첨가하였다. 플레이트를 실온에서 2시간 동안 인큐베이션하도록 둔 다음, 클라리오스타 (BMG 랩테크) 상에서 330nm 여기를 사용하고 620 및 670 nm에서 방출을 검출하여 판독하였다.

[2901] HTRF 중화 검정에 대한 % 효과의 계산:

[2902] $$\%\ \text{효과} = \frac{(\text{HTRF 비}_{\text{샘플}} - \text{HTRF 비}_{\text{최소}})}{(\text{HTRF 비}_{\text{최대}} - \text{HTRF 비}_{\text{최소}})} \times 100$$

[2903] 5nM의 AF647 ACE2, 10nM의 스파이크 RBD 및 10nM의 인간 IgG1 이소형 대조군을 함유하는 웰이 최대 신호 (HTRF 비$_{\text{최대}}$)로 지칭되고, 5nM의 AF647 ACE2, 10nM의 스파이크 RBD 및 10nM의 양성 대조군 항체 (시노 바이올로지칼 40590-D001)를 함유하는 웰이 최소 신호 (HTRF 비$_{\text{최소}}$)로 지칭된다.

[2904] 실시예 16: 슈도바이러스 중화 검정

[2905] 본 발명자들은 슈도바이러스 외피에 제시된 보유 서열에 푸린 돌연변이 및 말단절단을 보유하는 SARS-CoV-2 스파이크 단백질을 갖는 비-복제-적격 슈도바이러스 입자를 사용하는 슈도바이러스 중화 검정에서 모든 회수된 항체 (실시예 12 참조)를 스크리닝하여 이들의 활성을 평가하였다.

[2906] 실시예 12로부터의 602개의 선택된 항체를 슈도바이러스 중화 검정에서 2-포인트 적정 (7nM 및 0.7nM)으로서 초기에 시험하였다. 모든 시험된 항체를 HTRF 서브유닛 결합 검정으로부터의 결과에 기초하여 3개의 군 RBD, NTD 및 S2 결합제로 분류하였다. 각각의 카테고리에서, 항체를 슈도바이러스 중화 검정의 활성에 의해 순위화하였다. 각각의 카테고리 내의 항체의 상위 10% (602개의 회수된 항체 중 총 59개의 항체)를 선택하고, 2차 스크리닝 단계에 가져갔다.

[2907] 물질 및 방법

[2908] SARS-CoV-2 재조합 유사형 바이러스의 생성

[2909] RNAi 코어 (아카데미아 시니카(Academia Sinica), 대만)로부터 입수한 플라스미드를 사용하여 비-복제 유사입자를 생성하였다. 간략하게, 보유 서열에 푸린 돌연변이 및 말단절단을 갖는 스파이크를 안정하게 발현하는 293T를 80% 전면생장률에 도달하도록 175T 플라스크에 밤새 시딩하였다. 다음 날, Lipo3000 (깁코 L300-015)을 제조업체의 지침서에 따라 사용하여 세포를 55㎍ 패키지 플라스미드 (gag-pol) 및 55㎍ pLAS2w.FLuc.Ppuro (리포터 유전자로서 반딧불이 루시페라제를 코딩하는 DNA 플라스미드)로 형질감염시켰다. 밤새 인큐베이션한 후, 배양 배지를 제거하고, 1% BSA를 함유하는 DMEM 배지로 보충하여 바이러스의 수율을 증진시켰다. 형질감염 24 및 48시간 후에 수집된 바이러스 함유 상청액을 0.45uM 필터를 사용하여 멸균 여과하였다. 수집된 바이러스를 분취하고, 추가의 사용을 위해 -80℃에서 저장하였다.

[2910] 1차 스크린에서의 2-포인트 슈도바이러스 중화 검정

[2911] 상청액으로부터 정제된 항체를 96-웰 포맷, 세포-기반 바이러스 중화 검정에서 SARS-CoV-2 스파이크 슈도바이러스의 중화에 대해 시험하였다. 모든 항체를 2-포인트 적정 (7nM 및 0.7nM의 최종 농도)으로서 초기에 시험하였다. 적정 항체를 반딧불이 루시페라제를 코딩하는 SARS-CoV-2 슈도바이러스 입자와 함께 37℃에서 5% CO_2 하에 1시간 동안 인큐베이션한 후, 인간 재조합 ACE2 및 TMPRSS2를 발현하는 293T 안정한 세포주의 5만개 세포를 첨가하였다. TMPRSS2는 스파이크 단백질을 그의 S1 및 S2 서브유닛으로 절단하여 바이러스가 ACE2에 부착하고 세포에 진입하도록 하는 프로테아제이다. 슈도바이러스 입자의 게놈이 세포 내로의 진입 후 숙주 세포 게놈 내로 통합되는 경우에, 반딧불이 루시페라제 발현은 형질도입된 세포의 수에 비례한다. 48시간 인큐베이션 후에, 세포를 용해시키고, 단지 세포에서, 단지 유사형 바이러스로 형질도입된 세포에서 및 항체의 존재 하에 유사형 바이러스로 형질도입된 세포에서 검출된 루시페라제 신호 사이의 비교는 시험된 유사형에 대한 중화 활성의 결정을 가능하게 한다.

[2912] 실시예 17: 에피토프 비닝

[2913] 경쟁 연구를 위해, 항-hIgG Fc 포획 (AHC) 바이오센서를 사용한 프리믹스 검정을 사용하고, 옥테트 (포르테바이오) 상에서 수행하였다. 먼저, 10 ug/mL의 정제된 스파이크 ECD를 50 ug/mL의 모노클로날 항체 (Ab2)와 실온에서 30분 동안 혼합하여 복합체를 형성하였다. 15 ug/mL의 정제된 모노클로날 항체 (Ab1)를 AHC 바이오센서에 의해 400초 동안 포화될 때까지 포획하였다. 이어서, AHC 센서를 15 ug/mL 비관련 대조군 hIgG 항체로 200초 동안 차단하였다. Ag-Ab2 복합체를 Ab1 로딩된 바이오센서에 첨가하여 200초 동안 결합을 측정하였다. 결과를 데이터 분석 HT 10.0 소프트웨어로 분석하였다.

[2914] 실시예 17에 기재된 선택 기준을 충족한 59종의 항체를 참조 항체와의 경쟁에 대해 분석하였다. 이들 중에, 32종의 항-RBD 항체, 12종의 항-NTD 항체 및 15종의 항-S2 항체가 존재하였다. 경쟁에 사용된 참조 항체는 RBD의 경우 IMPI-059 및 mAb B, NTD의 경우 mAb E 및 S2의 경우 IMP-013이었다.

[2915] 시험된 항-RBD 항체는 IMPI-059-유사, mAb B-유사, 크로스 빈 및 고유한 항체로 군분류될 수 있다. 항-NTD 및 항-S2 항체는 각각 참조 항체 mAb E 및 IMPI-013과 경쟁하지 않았다.

[2916]

	IMPI-059-유사	mAb B-유사	크로스 빈	고유한 항체
항체 수	17	3	9	3

[2917] 표 E17-1. 항-RBD 항체는 참조 항체에 대한 경쟁 결합 항체로서 군분류되었다.

[2918] 실시예 18: 2차 스크린에서의 11-포인트 적정 슈도바이러스 중화 검정

[2919] 항체를 11-포인트 적정으로 슈도바이러스 중화 검정에서 시험하였다. 정제된 항체를 초기에 96-웰 플레이트에서 10% 열-불활성화 태아 소 혈청 (깁코)을 함유하는 DMEM 배지 중에 3배 희석하였다. 이어서, 항체를 96 웰 플레이트 내에서 100nM의 최종 농도에서 출발하여 11-포인트 희석으로 이중으로 추가로 적정하였다. 양성 (mAb A, mAb B 및 IMPI-059) 대조군 항체를 또한 동일한 농도로 희석하였다. 30 μL/웰의 적정된 항체를 이소플레이트(Isoplate)™ 96 웰 TC 플레이트 (퍼킨엘머 6005071) 내로 플레이팅하였다. 하기 대조군을 사용하였다: 세포 단독, 및 세포 및 바이러스 (항체 없음). 이어서, 50 μL/웰의 유사형 바이러스를 첨가하였다 (세포 단독 대조군 제외). 항체 및 유사형 바이러스의 혼합물을 함유하는 플레이트를 5% CO_2 하에 37℃에서 1시간 동안 인큐베이션되도록 두었다. 이어서, 재조합 인간 ACE2 및 TMPRSS2를 안정하게 발현하는 293T 세포를 각각의 웰에 첨가하여 웰당 $5x10^4$개 세포의 최종 세포 수를 수득하였다. 플레이트를 5% CO_2 하에 37℃에서 인큐베이션하였다. 48시간 인큐베이션 후에, 배양 배지를 조심스럽게 제거하고, 100 ul의 브라이트글로 (프로메가 cat# E2610)를 검출 시약으로서 각각의 웰에 첨가하였다. 플레이트를 클라리오스타 (BMG 랩테크) 상에서 판독하여 발광 강도를 검출하였다. 각각의 항체의 중화 곡선 및 IC_{50}을 세포 단독 (100%) 및 바이러스/세포 단독 (항체 없음) (0%)으로 정규화된 루시페라제 활성에 기초한 곡선 피팅 프로그램을 사용하여 계산하였다. 상이한 도메인에 대한 대표적인 클론에 대한 중화 효력 (IC50)이 표 E18-1에 제시된다.

클론	IC50 (nM)	결합 도메인
YANG-1112	0.52	RBD
YANG-1301	0.52	NTD
YANG-1302	0.23	NTD
YANG-1401	0.53	RBD
YANG-2107	0.3	RBD
YANG-2108	0.27	RBD
YANG-2111	1.33	RBD
YANG-2203	5.45	S2
YANG-2204	3.3	S2
YANG-2205	3.35	S2
YANG-2206	3.96	S2
YANG-2207	2.59	S2
YANG-2208	4.68	S2
YANG-2301	0.53	NTD
YANG-2302	0.61	NTD
YANG-2303	0.48	NTD

[2920]

[2921] 표 E18-1: 슈도바이러스 중화 검정에서의 항체의 효력

[2922] IC50 값 (나노몰)으로서 표현된, SARS CoV2 유사형 바이러스에 대한 선택된 항체의 중화 효력.

[2923] 실시예 19: 합포체 억제 검정

[2924] 생체내 세포 모델 및 조직병리학적 폐 절편을 포함한 SARS-CoV-2 감염 세포에서 합포체 형성이 관찰되었다. 건강한 세포 상의 ACE2에 결합하는 감염된 세포 표면 상의 스파이크 단백질은 세포 융합을 유도할 수 있다. 최근에, 합포체 형성은 바이러스 전파를 용이하게 할 뿐만 아니라 림프구 손실을 유도하는 것으로 보고되었다 (Zhang, Z. et al., Cell Death Differ 28, 2765-2777 (2021)). 본 발명자들은 세포-기반 합포체 형성 검정에 의해 합포체 형성을 억제하는 선택된 항체의 능력을 측정하였다.

[2925] 30종의 선택된 항체를 합포체 형성을 억제하는 그의 능력에 대해 평가하였다. 강력한 항-RBD 항체 IMPI-059와의 조합에서, 8종의 항체는 참조 항체 조합 mAb A 및 mAb B와 비교하여 합포체 형성의 대등한 또는 우수한 억제를 나타냈다 (도 14). YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207이 합포체 억제 검정에서 가장 강력한 항체였다.

[2926] 물질 및 방법

[2927] 먼저, 10^4개의 표적 세포 (293T - hACE2, TMPRSS2, EGFP)를 폴리-D-리신 코팅된 96 웰 배양 플레이트에 시딩하고, 5시간 동안 인큐베이션하였다. 시험 항체 및 IMPI-059를 멸균 DPBS로 희석하고, 각각의 항체에 대해 200nM로 혼합하였다. 이펙터 세포 (293T - WT 스파이크, RFP)를 배양 배지에 의해 $2.5x10^4$개 세포/mL로 희석하였다. 40uL의 이펙터 세포 및 10uL의 항체 혼합물을 혼합하고, 얼음 상에서 30분 동안 인큐베이션한 다음, 배양된 표적 세포에 첨가하였다. 2일 인큐베이션 후에, 합포체 형성을 도립 형광 현미경 하에 검사하였다. 세포를 누크블루(NucBlue)™ 라이브 레디프로브스(Live ReadyProbes)™ 시약 (인비트로젠(Invitrogen), Cat. R37605)에 의해 염색하고, 4% 파라포름알데히드로 고정시키고, PBS로 세척하였다. 플레이트를 알루미늄 호일로 덮고, 고함량 영상화를 위해 냉장고에 저장하였다.

[2928] 이미지 획득 및 분석을 메타엑스프레스 하이 콘텐츠 (몰레큘라 디바이시스(Molecular Devices)) 상에서 수행하였다. DAPI, GFP 및 텍사스레드 채널의 영상을 4X 배율 하에 획득하고 분석하였다. 핵을 DAPI 채널에 의해 정의하고, 세포를 GFP/텍사스레드 채널에 의해 정의하였다. 정의 마스크를 크기 및 강도에 의해 설정하여 핵, GFP 발현 세포 및 RFP 발현 세포를 확인하였다. GFP 및 RFP 공동국재화된 세포를 합포체로 정의하였다. 합포체에서의 핵 수를 전체 필드에서의 핵 수로 나눔으로써 합포체 형성 백분율을 계산하였다.

[2929] 추가의 연구로부터의 결론:

[2930] 상기 실시예 12 내지 19에 기재된 연구로부터의 결과가 하기 표 E19-1에 요약된다.

mAb 명칭	옥테트에 의한 친화도 (SPR) (nM)	에피토프	PV 중화 % (Ab 1 ug/mL)	PV 중화 IC50 (nM)	돌연변이체에 대한 PV IC50 (nM)	ACE2 억제 검정 (%)	IMPI-059 와 조합된 합포체 억제 검정 (%)
YANG-1101	< 0.1	RBD	97.99			99.98	
YANG-1102	< 0.1	RBD	86.92	0.84		32.51	
YANG-1103	< 0.1	RBD	100.05	0.28		100.99	
YANG-1105	< 0.1	RBD	97.16			91.44	
YANG-1106	< 0.1	RBD	99.48			100.89	
YANG-1107	< 0.1	RBD	99.23			100.39	
YANG-1108	< 0.1	RBD	95.21			95.91	
YANG-1109	< 0.1	RBD	99.44	1.81		101.49	
YANG-1110	< 0.1	RBD	99.35			100.76	
YANG-1111	< 0.1	RBD	72.69	1.82		36.6	16.54
YANG-1112	<0.1	RBD	89.22	0.52	0.34	93.41	
YANG-1113	< 0.1	RBD	97.61			96.46	
YANG-1114	< 0.1	RBD	93.16			84.29	
YANG-1115	< 0.1	RBD	97.82			92.03	
YANG-1116	< 0.1	RBD	99.24			100.45	
YANG-1117	< 0.1	RBD	97.79			96.87	
YANG-1118	< 0.1	RBD	99.32	0.25	2.76	101.18	
YANG-1119	< 0.1	RBD	99.05	0.96		90.47	
YANG-1201	< 0.1	S2	40.56	N/A		5.43	14.84
YANG-1202	< 0.1	S2	51.93	N/A		3.59	32.09
YANG-1203	< 0.1	S2	41.41	N/A		3.27	22.04
YANG-1204	< 0.1	S2	44.76	N/A		2.86	16.95

[2931]

[2932]

mAb 명칭	옥테트에 의한 친화도 (SPR) (nM)	에피토프	PV 중화 % (Ab 1 ug/mL)	PV 중화 IC50 (nM)	돌연변이체에 대한 PV IC50 (nM)	ACE2 억제 검정 (%)	IMPI-059 와 조합된 합포체 억제 검정 (%)
YANG-1205	< 0.1	S2	40.18	N/A		1.14	20.76
YANG-1206	< 0.1	S2	45.87	N/A		8.71	23.69
YANG-1207	< 0.1	S2	39.94	N/A		11.03	23.42
YANG-1301	< 0.1	NTD	60.44	0.52		4.15	51.93
YANG-1302	< 0.1	NTD	60.27	0.23	0.25	-1.28	51.83
YANG-1303	< 0.1	NTD	46.26	N/A		3.51	46.57
YANG-1304	< 0.1	NTD	41.46	N/A		16.44	39.66
YANG-1305	< 0.1	NTD	60.5	0.42		6.15	41.72
YANG-1401	<0.1	RBD	91.64	0.53		3.16	
YANG-1402	< 0.1	RBD	94.45			7.18	
YANG-1403	< 0.1	RBD	99.31			9.18	
YANG-2101	< 0.1	RBD	99.96			100.79	
YANG-2102	< 0.1	RBD	99.36			100.87	
YANG-2103	< 0.1	RBD	97.66			101.96	
YANG-2104	< 0.1	RBD	99.34			101.44	
YANG-2105	< 0.1	RBD	99.61			101.46	
YANG-2106	< 0.1	RBD	93.31			99.53	
YANG-2107	<0.1	RBD	61.2	0.3		91.69	36.11
YANG-2108	<0.1	RBD	81.84	0.27	0.23	98.27	34.17
YANG-2109	< 0.1	RBD	94.97	0.5		95.13	13.43
YANG-2110	< 0.1	RBD	99.92			101.89	
YANG-2111	< 0.1	RBD	86.78	1.33	1	101.54	21.47
YANG-2112	<0.1	RBD	88.64	0.65		29.13	29.03

mAb 명칭	옥테트에 의한 친화도 (SPR) (nM)	에피토프	PV 중화 % (Ab 1 ug/mL)	PV 중화 IC50 (nM)	돌연변이체에 대한 PV IC50 (nM)	ACE2 억제 검정 (%)	IMPI-059와 조합된 합포체 억제 검정 (%)
YANG-2201	< 0.1	S2	35.21	N/A		-3.21	-11.3
YANG-2202	< 0.1	S2	37.53	N/A		4.17	4.15
YANG-2203	<0.1	S2	35.69	5.45	32.46	4.38	32.15
YANG-2204	<0.1	S2	40.99	3.3	8.83	-2.49	52.03
YANG-2205	<0.1	S2	47.55	3.35		5.6	35.23
YANG-2206	<0.1	S2	41.99	3.96	100	0.33	48.12
YANG-2207	<0.1	S2	57.82	2.59	32.3	5.18	51.33
YANG-2208	<0.1	S2	38.16	4.68		-6.02	41.67
YANG-2301	< 0.1	NTD	56.43	0.53	0.4	1.45	47.9
YANG-2302	< 0.1	NTD	52.16	0.61		-6.05	43.26
YANG-2303	< 0.1	NTD	58.62	0.48		0.27	45.9
YANG-2304	< 0.1	NTD	52.82	0.74		5.58	33.77
YANG-2305	< 0.1	NTD	64.37	0.57		29.71	34.78
YANG-2306	< 0.1	NTD	60.36	0.43		25.07	41.18

[2933]

[2934] 표 E19-1: 추가의 항체 생성 연구로부터의 스크리닝 검정의 결과

[2935] 상기 실시예 12 내지 19에 기재된 바와 같이, 키맙 마우스로부터 COVID-19에 대한 항체를 선택하기 위한 이 추가의 연구에서, RBD에 대한 5종의 항체 및 S2 도메인에 대한 6종의 항체를 포함한 11종의 강력한 후보 항체를 리드 패널로서 확인하였다. 2종의 강한 항-RBD 항체 YANG-1112 및 YANG-2111은 결합에 대해 어떠한 참조 항체와도 경쟁하지 않는다는 것이 관심 대상이며, 이는 이들 2종의 항체에 의해 인식되는 가능한 고유한 에피토프를 나타낸다. 추가적으로, 조합 요법을 위해 항-RBD 항체와 쌍형성하는 데 사용될 수 있는 항-S2 항체 YANG-2204, YANG-2206 및 YANG-2207은 합포체의 형성, 즉 세포 융합을 억제하기 위한 가장 강한 후보를 나타낸다.

[2936] 서열

[2937] 표 1a

[2938] 하기 표 1a는 본 명세서에 기재된 항체의 아미노산 서열 및 코딩 핵산을 보여준다. 모든 IMPI VH 도메인, IMPI VL 도메인, IMPI CDR, IMPI 중쇄 및 IMPI 경쇄, 이들을 포함하는 항체, 뿐만 아니라 이들의 코딩 핵산은 본 발명의 예를 나타낸다. CDR은 IMGT 방법에 따라 결정된다.

[2939]

SEQ ID NO	서열	설명	클론 ID
1	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGAGGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GGTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGGGGGTCTCAGTTATTT ATAGTGGTGGTACCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATACGGTGGTCTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA	VH 도메인 핵산 서열	IMPI-052
2	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGVTVSSNYMNWVRQAPGKGLEGVSVIYSGGTTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDTVVYGMDVWGQGTTVTVSS	VH 도메인 아미노산 서열	IMPI-052
3	GVTVSSNY	HCDR1	IMPI-052
4	IYSGGTT	HCDR2	IMPI-052
5	ARDTVVYGMDV	HCDR3	IMPI-052
6	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATACTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA	VL 도메인 핵산 서열	IMPI-052
7	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYTASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYPLTFGGGTKVEIK	VL 도메인 아미노산 서열	IMPI-052
8	QGISSY	LCDR1	IMPI-052
9	TAS	LCDR2	IMPI-052
10	QQLNSYPLT	LCDR3	IMPI-052

[2940]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
11	IMPI-047	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GTTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAACCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGATCTAGTGGCTTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
12	IMPI-047	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRTEDTAVYYCARDLVAYGMDVWGQGTTVTVSS
13	IMPI-047	HCDR1	GFTVSSNY
14	IMPI-047	HCDR2	IYSGGST
15	IMPI-047	HCDR3	ARDLVAYGMDV
16	IMPI-047	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACTACTTAATAGTAACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
17	IMPI-047	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKVLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQLLNSNPLTFGGGTKVEIK
8	IMPI-047	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-047	LCDR2	AAS
19	IMPI-047	LCDR3	QLLNSNPLT

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
20	IMPI-003	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAGCTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA GTTGGAATAGTGGTAGCATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAAGACACGGCCTTATATTACTGTGCAAAAGATTTGGGACTGGG GATTGGCTTCTATTACGGTTTGGACGTCTGGGGCCAGGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
21	IMPI-003	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQAPGKGLEWVSGISWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCAKDLGLGIGFYYGLDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-003	HCDR1	GFTFDDYA
23	IMPI-003	HCDR2	ISWNSGSI
24	IMPI-003	HCDR3	AKDLGLGIGFYYGLDV
25	IMPI-003	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAAATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCAT CCACTTTACAAAGTGGGGGTCCCATCGAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGCACAGATTTCACTCTCACCCTCAGCAGC CTGGAGCCTGAAGATTTAGCAACTTATTACTGTCTACATCACTACACTTACCCGTGGACGTTCGGCCAATGGGACCAA GGTGGAAACTCAAA
26	IMPI-003	VL 도메인 아미노산 서열	AIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKLLIYDASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LEPEDLATYYCLHHYTYPWTFGHGTKVELK
27	IMPI-003	LCDR1	QGIRND
28	IMPI-003	LCDR2	DAS
29	IMPI-003	LCDR3	LHHYTYPWT

[2941]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
30	IMPI-043	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATTACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGGAACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
31	IMPI-043	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRNSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-043	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-043	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-043	HCDR3	ARSYNWNYFDY
35	IMPI-043	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAGCTTATTACTGTCAACAGTTTATTAGTTATCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
36	IMPI-043	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFAAYYCQQFISYPWTFGQGTKVEIK
37	IMPI-043	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-043	LCDR2	DAS
38	IMPI-043	LCDR3	QQFISYPWT

[2942]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
39	IMPI-048	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTTATGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGT ACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGCTACCATATCAGTAGACACGTCTAAG AACCAGCTCTCCCTGAGGCTGAACTCTGTCACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTTCGGTGG TAACTCGAACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
40	IMPI-048	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSYGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRATISVDTSK NQLSLRLNSVSAADTAVYYCARDFGGNSNYFDYWGQGSLVTVSS
41	IMPI-048	HCDR1	GGSISSYGYY
42	IMPI-048	HCDR2	IYYSGST
43	IMPI-048	HCDR3	ARDFGGNSNYFDY
44	IMPI-048	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCTCCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGTCATTAGTAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTACAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAC GGTGGAGATCAAA
45	IMPI-048	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVSITCRASQVISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFTTYYCQQFNSYPLTFGGGTTVEIK
46	IMPI-048	LCDR1	QVISSA
28	IMPI-048	LCDR2	DAS
47	IMPI-048	LCDR3	QQFNSYPLT

[2943]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
48	IMPI-014	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTTATGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGT ACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGCTACCATATCAGTAGACACGTCTAAG AACCAGCTCTCCCTGAGGCTGAACTCTGTCACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTTCGGTGG TAACTCGAACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
49	IMPI-014	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSYGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRATISVDTSK NQLSLRLNSVSAADTAVYYCARDFGGNSNYFDYWGQGTLVTVSS
41	IMPI-014	HCDR1	GGSISSYGYY
42	IMPI-014	HCDR2	IYYSGST
43	IMPI-014	HCDR3	ARDFGGNSNYFDY
50	IMPI-014	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGGGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGTAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTACAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
51	IMPI-014	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFTTYYCQQFNSYPLTFGGGTKVEIK
37	IMPI-014	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-014	LCDR2	DAS
47	IMPI-014	LCDR3	QQFNSYPLT

[2944]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
52	IMPI-059	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GTTCACCGTCAGTAGCATCTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAATTATTT ATAGCCGTGGTAGTACAGACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACATTTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGACTATGGTTCG GGGAGTTCATGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
53	IMPI-059	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSIYMSWVRQAPGKGLEWVSIIYSRGSTDYADSVKGRFTISRDISKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTMVRGVHAFDIWGQGTMVTVSS
54	IMPI-059	HCDR1	GFTVSSIY
55	IMPI-059	HCDR2	IYSRGST
56	IMPI-059	HCDR3	ARDGTMVRGVHAFDI
57	IMPI-059	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCACCCTCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCAGGCGAG TCAGGACATTTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCAT CCAATTTGGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCATCAGCAAC CTGCAGCCTGAAGATATTGTAACATATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGAGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA GCTGGAGATCAAA
58	IMPI-059	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPPSLSASIGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPSRFSGSGSGTDFTLTISN LQPEDIVTYYCQQYDNLPSSFGQGTKLEIK
59	IMPI-059	LCDR1	QDISNY
28	IMPI-059	LCDR2	DAS
60	IMPI-059	LCDR3	QQYDNLPSS

[2945]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
61	IMPI-057	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATACACTGGGTCCGGCAAGCTCCAGGGAAGGGCCTGGAATGGGTCTCAGGTATTA CTTGGAATAGTGGTAGCATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAGGATACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATCTCCAGAGGGGA CTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
62	IMPI-057	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAIHWVRQAPGKGLEWVSGITWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCAKDLQGDYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-057	HCDR1	GFTFDDYA
63	IMPI-057	HCDR2	ITWNSGSI
64	IMPI-057	HCDR3	AKDLQGDYYYYGMDV
65	IMPI-057	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCAATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCTAG TCAGGACATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAAGCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGGCT CCAGTTTTAAAAGTGGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTAGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTATTAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAG GGTGGAGATCAAA
66	IMPI-057	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISSALAWYQQKAGKAPKLLIYDGSSFKSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFISYPLTFGGGTRVEIK
67	IMPI-057	LCDR1	QDISSA
68	IMPI-057	LCDR2	DGS
69	IMPI-057	LCDR3	QQFISYPLT

[2946]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
70	IMPI-015	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCATCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACGGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
71	IMPI-015	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTIYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
72	IMPI-015	HCDR1	GYSFTIYW
33	IMPI-015	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-015	HCDR3	ARSYNWNYFDY
73	IMPI-015	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAACAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAACTCCTAAACTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
74	IMPI-015	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINSALAWYQQKPGKTPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFNSYPWTFGQGTKVEIK
75	IMPI-015	LCDR1	QGINSA
28	IMPI-015	LCDR2	DAS
76	IMPI-015	LCDR3	QQFNSYPWT

[2947]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
77	IMPI-025	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGGAGTACCTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTCTCATAGTGGGAGCACCCAGTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCACTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGGGAGAGGGGTATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
78	IMPI-025	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISRSTWWSWVRQPPGKGLEWIGEISHSGSTQYNPSLKSRVTISLDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCAGEGYNWNYWGQGTLVTVSS
79	IMPI-025	HCDR1	GGSISRSTW
80	IMPI-025	HCDR2	ISHSGST
81	IMPI-025	HCDR3	AGEGYNWNY
82	IMPI-025	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTAATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAAGTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATGTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
83	IMPI-025	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSKWDSGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
84	IMPI-025	LCDR1	QSLVYSDGNTY
85	IMPI-025	LCDR2	KVS
86	IMPI-025	LCDR3	MQGTHWPLT

[2948]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
87	IMPI-051	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGA ATACAGATTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACGGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
88	IMPI-051	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSEYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
89	IMPI-051	HCDR1	EYRFTSYW
33	IMPI-051	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-051	HCDR3	ARSYNWNYFDY
90	IMPI-051	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCTTCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAACCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAGGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAAAAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
91	IMPI-051	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRPSQGISSGLAWYQQKPGKAPNLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFKSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-051	LCDR1	QGISSG
28	IMPI-051	LCDR2	DAS
93	IMPI-051	LCDR3	QQFKSYPWT

[2949]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
94	IMPI-031	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAATCTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA GTTGGAATAGTGGTTCCATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATCTCCAGGGGGA CGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
95	IMPI-031	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQSPGKGLEWVSGISWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCAKDLQGDDYYYGMDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-031	HCDR1	GFTFDDYA
23	IMPI-031	HCDR2	ISWNSGSI
96	IMPI-031	HCDR3	AKDLQGDDYYYGMDV
97	IMPI-031	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTTTGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTTTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAGCTTTTTACTGTCAACAGTTTATTAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
98	IMPI-031	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIFDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTFTISS LQPEDFAAFYCQQFISYPLTFGGGTKVEIK
37	IMPI-031	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-031	LCDR2	DAS
69	IMPI-031	LCDR3	QQFISYPLT

[2950]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
99	IMPI-045	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTTATGGTTTCTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGT TCATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGCTACCATATCAGTAGACACGTCTAAG AACCAGCTCTCCCTGAGGCTGAACTCTGTCAGTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTTCGGTGG TAACTCGAACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
100	IMPI-045	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSYGFYWSWIRQHPGKGLEWIGFIYYSGSTYYNPSLKSRATISVDTSK NQLSLRLNSVSAADTAVYYCARDFGGNSNYFDYWGQGTLVTVSS
101	IMPI-045	HCDR1	GGSISSYGFY
42	IMPI-045	HCDR2	IYYSGST
43	IMPI-045	HCDR3	ARDFGGNSNYFDY
102	IMPI-045	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAATTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCGTCTGTTGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTCAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCGAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
103	IMPI-045	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPQLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFNSYPLTFGGGTKVEIK
37	IMPI-045	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-045	LCDR2	DAS
47	IMPI-045	LCDR3	QQFNSYPLT

[2951]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
104	IMPI-005	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GTTCACCGTCAGTAGCAACTATATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTTTCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGGACCCTACGG TGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
105	IMPI-005	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LFLQMNSLRAEDSAVYYCARDLGPYGVDVWGQGTTVTVSS
13	IMPI-005	HCDR1	GFTVSSNY
14	IMPI-005	HCDR2	IYSGGST
106	IMPI-005	HCDR3	ARDLGPYGVDV
107	IMPI-005	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAAGAGCTTAATAGTTACCCTCTCACTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
108	IMPI-005	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQELNSYPLTFGQGTRLEIK
8	IMPI-005	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-005	LCDR2	AAS
109	IMPI-005	LCDR3	QELNSYPLT

[2952]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
110	IMPI-038	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATAT CATATGATGGAAGTGATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAACAGTGGCTGGTTA TTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
111	IMPI-038	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSDKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKTVAGYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
112	IMPI-038	HCDR1	GFTFSSYG
113	IMPI-038	HCDR2	ISYDGSDK
114	IMPI-038	HCDR3	AKTVAGYYYYYGMDV
115	IMPI-038	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTGTCTGCATCTGTTGGAGACAGAGTCACCGTCACTTGTCGGGCGAG TCAGGATATTTAGTAGCTGGTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAATTCCTGATCTATGATGCAT CCAATTTGGAAAATGGAGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTACTATTGTCAACAAGCTAAAAGTTTCCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAC
116	IMPI-038	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTVTCRASQDISSWLAWFQQKPGKAPKFLIYDASNLENGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQAKSFPWTFGQGTKVEIN
117	IMPI-038	LCDR1	QDISSW
28	IMPI-038	LCDR2	DAS
118	IMPI-038	LCDR3	QQAKSFPWT

[2953]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
119	IMPI-036	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGG ATACACCTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGCCAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGA ACCCTATCAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGAAACACCTCCATAAGC ACAGCCTACATGGAGCTGAACAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGGCGGGCGATATTG TAGTGGTGTTAGCTGCTACTCCGGAGAGCCTTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
120	IMPI-036	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPISGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSIS TAYMELNSLRSEDTAVYFCARGGRYCSGVSCYSGEPFDYWGQGTLVTVSS
121	IMPI-036	HCDR1	GYTFTSYD
122	IMPI-036	HCDR2	MNPISGNT
123	IMPI-036	HCDR3	ARGGRYCSGVSCYSGEPFDY
124	IMPI-036	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCAGTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCACCTGCCGGGCCAG TCAGAGCATTGGTAGTAGCTTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTCTCCAAAGCTCCTCATCAAGTATGCTT CCCAGTCCATCTCAGGGGTCCCCTCGAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCATCAATAGC CTGGAAGCTGAAGATGCTGCAGCGTATTATTGTCATCAGAGTAGTAGTTTACCTCACACTTTCGGCCCTGGGACCAA AGTGGAGATCAAA
125	IMPI-036	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHWYQQKPDQSPKLLIKYASQSISGVPSRFSGSGSGTDFTLTINS LEAEDAAAYYCHQSSSLPHTFGPGTKVEIK
126	IMPI-036	LCDR1	QSIGSS
127	IMPI-036	LCDR2	YAS
128	IMPI-036	LCDR3	HQSSSLPHT

[2954]

SEQ ID NO	서열	설명	클론 ID
129	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAATAACTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCGATCATAGTGGGAGCACCATGTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGAGAGGGGTATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	서열	IMPI-023
130	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISSNNWWSWVRQPPGKGLEWIGEIDHSGSTMYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCTGEGYNWNYWGQGTLVTVSS	VH 도메인 아미노산 서열	IMPI-023
131	GGSISSNNW	HCDR1	IMPI-023
132	IDHSGST	HCDR2	IMPI-023
133	TGEGYNWNY	HCDR3	IMPI-023
134	GTTGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCCTATACACTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAAGATGTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA	VL 도메인 핵산 서열	IMPI-023
135	VVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLLYTDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLLYKVSNWDSGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK	VL 도메인 아미노산 서열	IMPI-023
136	QSLLYTDGNTY	LCDR1	IMPI-023
85	KVS	LCDR2	IMPI-023
86	MQGTHWPLT	LCDR3	IMPI-023

[2955]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
137	IMPI-019	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGATAAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAATACCTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAGCACCATGTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGTTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGTACGGGAGAGGGGCATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
138	IMPI-019	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLIKPSGTLSLTCAVSGGSISSNTWWSWVRQPPGKGLEWIGETYHSGSTMYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCTGEGHNWNYWGQGTLVTVSS
139	IMPI-019	HCDR1	GGSISSNTW
140	IMPI-019	HCDR2	IYHSGST
141	IMPI-019	HCDR3	TGEGHNWNY
142	IMPI-019	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAGCCTCGTATACACTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAACTGGGGATCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAAGATGTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
143	IMPI-019	VL 도메인 아미노산 서열	DVVLTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYTDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWESGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
144	IMPI-019	LCDR1	QSLVYTDGNTY
85	IMPI-019	LCDR2	KVS
86	IMPI-019	LCDR3	MQGTHWPLT

[2956]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
145	IMPI-008	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAGCTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA GTTGGAATAGTGGTAGCATAGGTTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGTTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATCTCCAGGGGGA CTACTACTACTACGGTGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
146	IMPI-008	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQAPGKGLEWVSGISWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRVEDTALYYCAKDLQGDYYYYGVDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-008	HCDR1	GFTFDDYA
23	IMPI-008	HCDR2	ISWNSGSI
147	IMPI-008	HCDR3	AKDLQGDYYYYGVDV
148	IMPI-008	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAACCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGTAAGTGGGGTCCCATCAAGATTCAGCGGCAGTAGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAACCTGAGGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTATTAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAG GGTGGAGATCAAA
149	IMPI-008	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKPPKLLIYDASSLVSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFISYPLTFGGGTRVEIK
37	IMPI-008	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-008	LCDR2	DAS
69	IMPI-008	LCDR3	QQFISYPLT

[2957]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
150	IMPI-004	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATAT GGTATGATGGAGGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCTAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGTTAATGTACTAAT GGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
151	IMPI-004	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGGNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVNVLMGYGMDVWGQGTTVTVSS
112	IMPI-004	HCDR1	GFTFSSYG
152	IMPI-004	HCDR2	IWYDGGNK
153	IMPI-004	HCDR3	ARVNVLMGYGMDV
154	IMPI-004	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGATAAAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTATTCATCAGCAGCTTCTTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
155	IMPI-004	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGDKATLSCRASQSIISSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGSSLTFGGGTKVEIK
156	IMPI-004	LCDR1	QSIISSF
157	IMPI-004	LCDR2	GAS
158	IMPI-004	LCDR3	QQYGSSLT

[2958]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
159	IMPI-012	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GATCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTACTACAAACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATACGGGTGGTCTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
160	IMPI-012	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGITVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGTTNYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDTVVYGMDVWGQGTTVTVSS
161	IMPI-012	HCDR1	GITVSSNY
4	IMPI-012	HCDR2	IYSGGTT
5	IMPI-012	HCDR3	ARDTVVYGMDV
162	IMPI-012	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTCACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
163	IMPI-012	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSHPLTFGGGTKVEIK
8	IMPI-012	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-012	LCDR2	AAS
164	IMPI-012	LCDR3	QQLNSHPLT

[2959]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
165	IMPI-010	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAGCTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA GTTGGGAATAGTGGTAGCATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATCTCCAGGGGGA CGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
166	IMPI-010	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQAPGKGLEWVSGISWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCAKDLQGDDYYYGVDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-010	HCDR1	GFTFDDYA
23	IMPI-010	HCDR2	ISWNSGSI
167	IMPI-010	HCDR3	AKDLQGDDYYYGVDV
168	IMPI-010	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGACATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTAGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAACCTGAAGATTTTGCAAATTATTACTGTCAACAGTTTATTAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
169	IMPI-010	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSRSGTDFTLTISS LQPEDFANYYCQQFISYPLTFGGGTKVEIK
67	IMPI-010	LCDR1	QDISSA
28	IMPI-010	LCDR2	DAS
69	IMPI-010	LCDR3	QQFISYPLT
170	IMPI-017	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCGCTGG GTTAACCGTCAGTTAGCAACTATATGAACTGGGTCCGCCAGGTTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTGGGTACCCTGGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

[2960]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
171	IMPI-017	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAAAGLTVSSNYMNWVRQVPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGTLGMDVWGQGTTVTVSS
172	IMPI-017	HCDR1	GLTVSSNY
14	IMPI-017	HCDR2	IYSGGST
173	IMPI-017	HCDR3	ARDLGTLGMDV
174	IMPI-017	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCACTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAGAGCGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAGCAGCTTAACAGTTACCTTCCGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
175	IMPI-017	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISTYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYLPTFGQGTKVEIK
176	IMPI-017	LCDR1	QGISTY
18	IMPI-017	LCDR2	AAS
177	IMPI-017	LCDR3	QQLNSYLPT
178	IMPI-037	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTAAAGCCTGGGGGGTCCCTTAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACTTTCAGTAACGCCTGGATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTGGCCGTATTA AAAACAAAGCTGATGGTGGGACAACAGACTACGCTGCACCCGTGAAAGGCAGATTCACCATCTCAAGAGATGATTCA AAAAACACGGTTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAAAACCGAGGACACAGCCGTGTATTACTGTACCACACAGAGGAATT ACTATGGTTCGGGGAGTCGCCCTTTGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
179	IMPI-037	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSNAWMSWVRQAPGKGLEWVGRIKNKADGGTTDYAAPVKGRFTISRDDS KNTLYLQMNSLKTEDTAVYYCTTELLWFGESPFDCWGQGTLVTVSS

[2961]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
180	IMPI-037	HCDR1	GFTFSNAW
181	IMPI-037	HCDR2	IKNKADGGTT
182	IMPI-037	HCDR3	TTEELLWFGESPFDC
183	IMPI-037	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTACAACTTATTACTGTCAACAATTTAATGATTACCCTCGGACGTTCGGCCCAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
184	IMPI-037	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGINSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFTTYYCQQFNDYPRTFGPGTKVEIK
185	IMPI-037	LCDR1	QGINSY
18	IMPI-037	LCDR2	AAS
186	IMPI-037	LCDR3	QQFNDYPRT
187	IMPI-022	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAGCTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA CTTGGAATAGTGGTAGCATAGGTTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCACATGAACAGTCTGAGAGTTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATCTCCAGGGGGA CTACTACTACTACGGTGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
188	IMPI-022	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQAPGKGLEWVSGITWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLHMNSLRVEDTALYYCAKDLQGDYYYYGVDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-022	HCDR1	GFTFDDYA
63	IMPI-022	HCDR2	ITWNSGSI

[2962]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
147	IMPI-022	HCDR3	AKDLQGDYYYGVDV
189	IMPI-022	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGGAAAGCTCCTAAACTCCTGCTCTATGATGCCT CCAGTTTGGTAAGTGGGGTCCCATCAAGATTCAGCGGCAGTAGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAACCTGAGGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTATTAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAG GGTGGAGATCAAA
190	IMPI-022	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLLYDASSLVSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFISYPLTFGGGTRVEIK
37	IMPI-022	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-022	LCDR2	DAS
69	IMPI-022	LCDR3	QQFISYPLT
191	IMPI-058	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACGAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGAAACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
192	IMPI-058	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFSSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSETRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
193	IMPI-058	HCDR1	GYSFSSYW
194	IMPI-058	HCDR2	IYPGDSET
34	IMPI-058	HCDR3	ARSYNWNYFDY

[2963]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
195	IMPI-058	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGGGACAGAGTCATCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCTTAAACTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCACCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAGTAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
196	IMPI-058	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVIITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTITS LQPEDFATYYCQQFSSYPWTFGQGTKVEIK
37	IMPI-058	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-058	LCDR2	DAS
197	IMPI-058	LCDR3	QQFSSYPWT
198	IMPI-024	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGTGAGGTCGTATAATTTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
199	IMPI-024	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCVRSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-024	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-024	HCDR2	IYPGDSDT
200	IMPI-024	HCDR3	VRSYNWNYFDY
201	IMPI-024	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCTCT CCAGTTTGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTCTTAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA

[2964]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
202	IMPI-024	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSGLAWYQQKAGKAPKLLIYDVSSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFLSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-024	LCDR1	QGISSG
203	IMPI-024	LCDR2	DVS
204	IMPI-024	LCDR3	QQFLSYPWT
205	IMPI-039	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCGGG TGGCTCCATCAGCAGAAGTACCTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAAA TCTCTCATAGTGGGAGTACCAAATACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGGGAGAGGGGTCTAACTG GAGTTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
206	IMPI-039	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGGSISRSTWWSWVRQPPGKGLEWIGEISHSGSTKYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCAGEGSNWSYWGQGTLVTVSS
79	IMPI-039	HCDR1	GGSISRSTW
80	IMPI-039	HCDR2	ISHSGST
207	IMPI-039	HCDR3	AGEGSNWSY
208	IMPI-039	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACACTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACATATTTGAGTTGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAAATGGGACGCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATATTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGCTCAAA
209	IMPI-039	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPHSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDAGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDIGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVELK

[2965]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
84	IMPI-039	LCDR1	QSLVYSDGNTY
85	IMPI-039	LCDR2	KVS
86	IMPI-039	LCDR3	MQGTHWPLT
210	IMPI-020	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAGTAACTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAGCACCATGTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGTATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
211	IMPI-020	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISSSNWWSWVRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTNYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCTGEGYNWNYWGQGTLVTVSS
212	IMPI-020	HCDR1	GGSISSSNW
140	IMPI-020	HCDR2	IYHSGST
133	IMPI-020	HCDR3	TGEGYNWNY
213	IMPI-020	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGTTTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAACAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCTCTGATTTCACA CTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
214	IMPI-020	VL 도메인 아미노산 서열	DVVLTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRFSGSGSGSDFT LKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
84	IMPI-020	LCDR1	QSLVYSDGNTY
85	IMPI-020	LCDR2	KVS

[2966]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
86	IMPI-020	LCDR3	MQGTHWPLT
215	IMPI-053	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCGGG TGGCTCCATCAGCAGAAGTACCTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAGCACCAAATACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGAGAGGGGTCTAACTG GAGCTACTGGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
216	IMPI-053	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCAVSGGSISRSTWWSWVRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTKYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCAGEGSNWSYWGQGTLVTVSS
79	IMPI-053	HCDR1	GGSISRSTW
140	IMPI-053	HCDR2	IYHSGST
207	IMPI-053	HCDR3	AGEGSNWSY
217	IMPI-053	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCAGTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCATATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATATTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGCTCAAA
218	IMPI-053	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPVSLPVTLGQPASISCRSSQSLIYSDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDIGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVELK
219	IMPI-053	LCDR1	QSLIYSDGNTY
85	IMPI-053	LCDR2	KVS
86	IMPI-053	LCDR3	MQGTHWPLT

[2967]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
220	IMPI-021	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GGTCACCGTCAGTTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATTAGCGGTGGTAGCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTCCCTACTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
221	IMPI-021	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGVTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSYYGMDVWGQGTTVTVSS
3	IMPI-021	HCDR1	GVTVSSNY
14	IMPI-021	HCDR2	IYSGGST
222	IMPI-021	HCDR3	ARDLSYYGMDV
223	IMPI-021	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAAATTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA GCTGGAGATCAAA
224	IMPI-021	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSKFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYPCSFGQGTKLEIK
8	IMPI-021	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-021	LCDR2	AAS
225	IMPI-021	LCDR3	QQLNSYPCS
226	IMPI-032	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAATAATAAGTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCGATCATAGTGGGAGCACCATGTACAACCCGTCCCTCAAGAGCCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTACGGGGAGAGGGGTATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCGGTCACCGTCTCCTCA

[2968]

SEQ ID NO	클로 ID	설명	서열
227	IMPI-032	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISSNKWWSWVRQPPGKGLEWIGEIDHSGSTMYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCTGEGYNWNYWGQGTRVTVSS
228	IMPI-032	HCDR1	GGSISSNKW
132	IMPI-032	HCDR2	IDHSGST
133	IMPI-032	HCDR3	TGEGYNWNY
229	IMPI-032	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGACGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCCTATACACTGATGGAAATACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAAGTGGGGAATCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAAGATGTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
230	IMPI-032	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTLGQTASISCRSSQSLLYTDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSKWESGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
136	IMPI-032	LCDR1	QSLLYTDGNTY
85	IMPI-032	LCDR2	KVS
86	IMPI-032	LCDR3	MQGTHWPLT
226	IMPI-001	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAATAAGTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCGATCATAGTGGGAGCACCATGTACAACCCGTCCCTCAAGAGCCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTAGGGGAGAGGGGTATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGGACCCGGTCACCGTCTCCTCA
227	IMPI-001	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISSNKWWSWVRQPPGKGLEWIGEIDHSGSTMYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCTGEGYNWNYWGQGTRVTVSS

[2969]

SEQ ID NO	서열	항체	클론 ID
228	GGSISSNKW	HCDR1	IMPI-001
132	IDHSGST	HCDR2	IMPI-001
133	TGEGYNWNY	HCDR3	IMPI-001
231	GATGTTGTGCTGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGACGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACACTGATGGAAATACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAAGTGGGAATCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACC CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAAGATGTTGGGATTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCATGGTGGAGATCACA	VL 도메인 핵산 서열	IMPI-001
232	DVVLTQSPLSLPVTLGQTASISCRSSQSLVYTDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSKWESGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGIYYCMQGTHWPLTFGGGTMVEIT	VL 도메인 아미노산 서열	IMPI-001
144	QSLVYTDGNTY	LCDR1	IMPI-001
85	KVS	LCDR2	IMPI-001
86	MQGTHWPLT	LCDR3	IMPI-001
233	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGG ATTACACCTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGA ACCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGAAACACCTCCATAAGC ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGGCGGGCGATATTG TAGTGATGTTAGCTGCTACTCCGGAGAGCCTTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	VH 도메인 핵산 서열	IMPI-041
234	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSIS TAYMELSSLRSEDTAVYFCARGGRYCSDVSCYSGEFFDYWGQGTLVTVSS	VH 도메인 아미노산 서열	IMPI-041
121	GYTFTSYD	HCDR1	IMPI-041
235	MNPNSGNT	HCDR2	IMPI-041

[2970]

[2971]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
236	IMPI-041	HCDR3	ARGGRYCSDVSCYSGEPFDY
237	IMPI-041	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCAGTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCACCTGCCGGGCCAG TCAGAGCATTGGTAGTAGCTTACACTGGTTCCAGCAGAAACCAGATCAGTCTCCAAAGCTCCTCATCAAGTATGCTT CCCAGTCCATCTCAGGGGTCCCCTCGAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCATCAATAGC CTGGAAGCTGAAGATGCTGCAGCGTATTATTGTCATCAGAGTAGTTTACCTCACACGTTTCGGCCCTGGGACCAA AGTGGAGATCAAA
238	IMPI-041	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHWFQQKPDQSPKLLIKYTSQSISGVPSRFSGSGSGTDFTLTINS LEAEDAAAYYCHQSSSLPHTFGPGTKVEIK
126	IMPI-041	LCDR1	QSIGSS
239	IMPI-041	LCDR2	YTS
128	IMPI-041	LCDR3	HQSSSLPHT
240	IMPI-029	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GGTCACCGTCAGTAGCAACTATATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTTTCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGGACCCTACGG TGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
241	IMPI-029	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGVTVSSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LFLQMNSLRAEDSAVYYCARDLGPYGVDVWGQGTTVTVSS
3	IMPI-029	HCDR1	GVTVSSNY
14	IMPI-029	HCDR2	IYSGGST
106	IMPI-029	HCDR3	ARDLGPYGVDV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
107	IMPI-029	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAAGAGCTTAATAGTTACCCTCTCACCTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
108	IMPI-029	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQELNSYPLTFGQGTRLEIK
8	IMPI-029	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-029	LCDR2	AAS
109	IMPI-029	LCDR3	QELNSYPLT
242	IMPI-009	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGTAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGT ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
243	IMPI-009	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGVEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDIRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-009	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-009	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-009	HCDR3	ARSYNWNYFDY
244	IMPI-009	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTGAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTTATAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA

[2972]

SEQ ID NO	클로 ID	설명	서열
245	IMPI-009	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSGLAWYQQKPGKAPELLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFYSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-009	LCDR1	QGISSG
28	IMPI-009	LCDR2	DAS
246	IMPI-009	LCDR3	QQFYSYPWT
247	IMPI-006	VH 도메인 핵산 서열	CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGTAATAGTAATTACTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGA GTATCTATTATAGTGGGAGAACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTAGACACGTCCAAG AACCAGTTCTCCCTGAAGTTGAGCTCTGTGACCGCCGCAGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAATGGGATTACT ATGGTTCGGGGAGTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
248	IMPI-006	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISNSNYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGRTYYNPSLKSRVTISVDTSK NQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMGLLWFGEFYGMDVWGQGTTVTVSS
249	IMPI-006	HCDR1	GGSISNSNYY
250	IMPI-006	HCDR2	IYYSGRT
251	IMPI-006	HCDR3	ARMGLLWFGEFYGMDV
252	IMPI-006	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAGCTGGTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGATGCAT CCAGTTTACAAAGAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCATCTTATTACTGCCAACAGTATAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAG GGTGGAGATCAAA
253	IMPI-006	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPEKAPKSLIYDASSLQRGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFASYYCQQYNSYPLTFGGGTRVEIK

[2973]

SEQ ID NO	클로 ID	설명	서열
254	IMPI-006	LCDR1	QGISSW
28	IMPI-006	LCDR2	DAS
255	IMPI-006	LCDR3	QQYNSYPLT
256	IMPI-054	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GCTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAATTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGCTAGGGGGGGTACTACTA CTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
257	IMPI-054	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGLTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSIIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARLGGYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
172	IMPI-054	HCDR1	GLTVSSNY
14	IMPI-054	HCDR2	IYSGGST
258	IMPI-054	HCDR3	ARLGGYYYYGMDV
259	IMPI-054	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCAGGCGAG TCAGGACATTAGAAACTATTTAAATTGGTATCAGAAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTACGATTTCAT CCAATTTGGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATATTGCAACATATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGATCACCTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
260	IMPI-054	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCQASQDIRNYLNWYQKKPGKAPKLLIYDSSNLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTIS LQPEDIATYYCQQYDNLPITFGQGTRLEIK
261	IMPI-054	LCDR1	QDIRNY
262	IMPI-054	LCDR2	DSS

[2974]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
263	IMPI-054	LCDR3	QQYDNLPIT
264	IMPI-044	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
265	IMPI-044	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-044	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-044	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-044	HCDR3	ARSYNWNYFDY
266	IMPI-044	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTTGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGTAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGTCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTCTTAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
267	IMPI-044	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSGLAWYQQKPGKAPKLLIYDVSSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFLSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-044	LCDR1	QGISSG
203	IMPI-044	LCDR2	DVS
204	IMPI-044	LCDR3	QQFLSYPWT

[2975]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
268	IMPI-002	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GGTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGGGGTCTCAGTTATTT ATAGTGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATACGGGTGGTCTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
269	IMPI-002	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGVTVSSNYMSWVRQAPGKGLEGVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDTVYGMDVWGQGTTVTVSS
3	IMPI-002	HCDR1	GVTVSSNY
14	IMPI-002	HCDR2	IYSGGST
5	IMPI-002	HCDR3	ARDTVVYGMDV
270	IMPI-002	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCTCACTTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
271	IMPI-002	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYPLTFGGGTKVEIK
8	IMPI-002	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-002	LCDR2	AAS
10	IMPI-002	LCDR3	QQLNSYPLT
272	IMPI-027	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTTATGGTTACTACTGGAACTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGT ACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAG AACCAGCTCTCCCTGAGGCTGAACTCTGTCACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTTCGGTGG TAACTCGAACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA

[2976]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
273	IMPI-027	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSYGYYWNWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSK NQLSLRLNSVSAADTAVYYCARDFGGNSNYFDYWGQGTLVTVSS
41	IMPI-027	HCDR1	GGSISSYGYY
42	IMPI-027	HCDR2	IYYSGST
43	IMPI-027	HCDR3	ARDFGGNSNYFDY
274	IMPI-027	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGACAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAACTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
275	IMPI-027	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRTSQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFNSYPLTFGGGTKVEIK
37	IMPI-027	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-027	LCDR2	DAS
47	IMPI-027	LCDR3	QQFNSYPLT
264	IMPI-011	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
265	IMPI-011	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS

[2977]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
32	IMPI-011	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-011	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-011	HCDR3	ARSYNWNYFDY
276	IMPI-011	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAACTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAATTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTATCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
277	IMPI-011	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSGLAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFAIYYCQQFNSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-011	LCDR1	QGISSG
28	IMPI-011	LCDR2	DAS
76	IMPI-011	LCDR3	QQFNSYPWT
278	IMPI-033	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTTATGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGAT ACATCTATTTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATGTCAGTTGACACGTCTAAG AACCAGCTCTCCCTGAGGCTGAACTCTGTCAGTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTTCGGTGG TAACTCGAACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
279	IMPI-033	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSYGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTMSVDTSK NQLSLRLNSVSAADTAVYYCARDFGGNSNYFDYWGQGTLVTVSS
41	IMPI-033	HCDR1	GGSISSYGYY
42	IMPI-033	HCDR2	IYYSGST

[2978]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
43	IMPI-033	HCDR3	ARDFGGNSNYFDY
280	IMPI-033	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAACCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTCCCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
281	IMPI-033	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPNLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFNSSPLTFGGGTKVEIK
37	IMPI-033	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-033	LCDR2	DAS
282	IMPI-033	LCDR3	QQFNSSPLT
283	IMPI-055	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGG ATTACACCTTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGA ACCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGAGACACCTCCATAAAC ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGGCGGGCGATATTG TAGTGATGTTACCTGCTACTCCGGAGAGCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
284	IMPI-055	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRDTSIN TAYMELSSLRSEDTAVYFCARGGRYCSDVTCYSGEPFDYWGQGTLVTVSS
121	IMPI-055	HCDR1	GYTFTSYD
235	IMPI-055	HCDR2	MNPNSGNT
285	IMPI-055	HCDR3	ARGGRYCSDVTCYSGEPFDY

[2979]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
286	IMPI-055	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTATGCTGACTCAGTCTCCAGACTTTCAGTCTGTGACTCCAAAGGAGAAAGTCACCATCACCTGCCGGGCCAG TCAGAGCATTGGTAGTAGCTTACACTGGTACCAGCAGAAACCAGATCAGTCTCCAAAACTCCTCATCAAGTTTGCTT CCCAGTCCATCTCAGGGGTCCCCTCGAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACCCTCACCATCAATAGC CTGGAAGCTGAAGATGCTGCAGCGTATTATTGTCATCAGAGTAGTAGTTTACCTCACACTTTCGGCCCTGGGACCAA AGTGGAGATCAAA
287	IMPI-055	VL 도메인 아미노산 서열	EIMLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSIGSSLHWYQQKPDQSPKLLIKFASQSISGVPSRFSGSGSGTDFTLTINS LEAEDAAAYYCHQSSSLPHTFGPGTKVEIK
126	IMPI-055	LCDR1	QSIGSS
288	IMPI-055	LCDR2	FAS
128	IMPI-055	LCDR3	HQSSSLPHT
198	IMPI-049	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGTGAGGTCGTATAATTTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
199	IMPI-049	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCVRSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-049	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-049	HCDR2	IYPGDSDT
200	IMPI-049	HCDR3	VRSYNWNYFDY
289	IMPI-049	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGTCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTCTTAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA

[2980]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
267	IMPI-049	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSGLAWYQQKPGKAPKLLIYDVSSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFLSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-049	LCDR1	QGISSG
203	IMPI-049	LCDR2	DVS
204	IMPI-049	LCDR3	QQFLSYPWT
290	IMPI-042	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GCTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAATTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGCTAGGGGGGGTACTACTA CTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
257	IMPI-042	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGLTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSIIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARLGGYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
172	IMPI-042	HCDR1	GLTVSSNY
14	IMPI-042	HCDR2	IYSGGST
258	IMPI-042	HCDR3	ARLGGYYYYGMDV
291	IMPI-042	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCAGGCGAG TCAGGACATTAGAAACTATTTAAATTGGTATCAGAAGAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCTGATCTACGATTTCAT CCAATTTGGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAGGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATATTGCAACATATTACTGTCAACAGTATGATAATCTCCCGATCACCTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
292	IMPI-042	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCQASQDIRNYLNWYQKKPGKAPKLLIYDSSNLETGVPSRFSGGGSGTDFTFTISS LQPEDIATYYCQQYDNLPITFGQGTRLEIK

[2981]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
261	IMPI-042	LCDR1	QDIRNY
262	IMPI-042	LCDR2	DSS
263	IMPI-042	LCDR3	QQYDNLPIT
293	IMPI-035	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGACTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAGCTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTAGTTGGAATAGTGGTAGCATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATCTCCAGGGGGACTACTACTACGGTGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
294	IMPI-035	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGDLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQAPGKGLEWVSGISWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTALYYCAKDLQGDYYYYGVDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-035	HCDR1	GFTFDDYA
23	IMPI-035	HCDR2	ISWNSGSI
147	IMPI-035	HCDR3	AKDLQGDYYYYGVDV
295	IMPI-035	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAATCAGGAAAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCTCCAGTTTGGAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTAGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTATTAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
296	IMPI-035	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKSGKAPKLLIYDASSLGSGVPSRFSGSRSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQFISYPLTFGGGTKVEIK
37	IMPI-035	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-035	LCDR2	DAS

[2982]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
69	IMPI-035	LCDR3	QQFISYPLT
297	IMPI-028	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GTTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGACCTATA CTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
298	IMPI-028	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDYGDLYFDYWGQGTLVTVSS
13	IMPI-028	HCDR1	GFTVSSNY
14	IMPI-028	HCDR2	IYSGGST
299	IMPI-028	HCDR3	ARDYGDLYFDY
300	IMPI-028	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTATTAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAT CCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAAATTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGA CTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
301	IMPI-028	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDKFSGSGSGTDFTLTISR LEPEDFAVYYCQQYGSSPRTFGQGTKVEIK
302	IMPI-028	LCDR1	QSISSY
157	IMPI-028	LCDR2	GAS
303	IMPI-028	LCDR3	QQYGSSPRT

[2983]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
304	IMPI-018	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGACTCCATCAGCCGTGGTGGTTTCTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGT ACATCTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGGGTCGAGTTACCATATCAGTAGACACGTCTAAG AACCAGTTCTCCCTGAAGCTGACCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGG TAACTCGAACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
305	IMPI-018	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSISRGGFYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKGRVTISVDTSK NQFSLKLTSVTAADTAVYYCARDYGGNSNYFDYWGQGTLVTVSS
306	IMPI-018	HCDR1	GDSISRGGFY
42	IMPI-018	HCDR2	IYYSGST
307	IMPI-018	HCDR3	ARDYGGNSNYFDY
308	IMPI-018	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAGG
309	IMPI-018	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFAPYYCQQFNSYPLTFGGGTKVEIR
37	IMPI-018	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-018	LCDR2	DAS
47	IMPI-018	LCDR3	QQFNSYPLT
264	IMPI-050	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA

[2984]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
265	IMPI-050	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-050	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-050	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-050	HCDR3	ARSYNWNYFDY
310	IMPI-050	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAATGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGTCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAGAGATTCCACTCTCACCATCAGCAGT CTGCAGTCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAAAAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
311	IMPI-050	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINNGLAWYQQKPGKAPKLLIYDVSSLESGVPSRFSGSGSGRDSTLTIS LQSEDFATYYCQQFKSYPWTFGQGTKVEIK
312	IMPI-050	LCDR1	QGINNG
203	IMPI-050	LCDR2	DVS
93	IMPI-050	LCDR3	QQFKSYPWT
264	IMPI-016	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
265	IMPI-016	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS

[2985]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
32	IMPI-016	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-016	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-016	HCDR3	ARSYNWNYFDY
313	IMPI-016	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAAC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
314	IMPI-016	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSGLAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISN LQPEDFATYYCQQFNSYPWTFGQGTKVEIK
92	IMPI-016	LCDR1	QGISSG
28	IMPI-016	LCDR2	DAS
76	IMPI-016	LCDR3	QQFNSYPWT
315	IMPI-040	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTACAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAATAACTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAGCACCATGTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTACGGGAGAGGGGTCTAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
316	IMPI-040	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISSNNWSWVRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTNYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCTGEGSNWNYWGQGTLVTVSS
131	IMPI-040	HCDR1	GGSISSNNW
140	IMPI-040	HCDR2	IYHSGST

[2986]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
317	IMPI-040	HCDR3	TGEGSNWNY
318	IMPI-040	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAGCCTCGTATATACTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TACTTTATAAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAAGATGTTGGGATTTATTATTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
319	IMPI-040	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYTDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLLYKVSNWDSGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGIYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
144	IMPI-040	LCDR1	QSLVYTDGNTY
85	IMPI-040	LCDR2	KVS
86	IMPI-040	LCDR3	MQGTHWPLT
77	IMPI-030	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGGAGTACCTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTCTCATAGTGGGAGCACCCAGTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCACTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGGGAGAGGGGTATAACTG GAACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
78	IMPI-030	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISRSTWWSWVRQPPGKGLEWIGEISHSGSTQYNPSLKSRVTISLDKSKN QFSLKLNSVTAADTAVYYCAGEGYNWNYWGQGTLVTVSS
79	IMPI-030	HCDR1	GGSISRSTW
80	IMPI-030	HCDR2	ISHSGST
81	IMPI-030	HCDR3	AGEGYNWNY

[2987]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
320	IMPI-030	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTAATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAAGTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
321	IMPI-030	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSKWDSGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
84	IMPI-030	LCDR1	QSLVYSDGNTY
85	IMPI-030	LCDR2	KVS
86	IMPI-030	LCDR3	MQGTHWPLT
264	IMPI-034	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAPACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
265	IMPI-034	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-034	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-034	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-034	HCDR3	ARSYNWNYFDY
322	IMPI-034	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGGTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGGTCTTAAGCTCCTGATCTATGATGTCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAAAAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA

[2988]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
323	IMPI-034	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGINSGLAWYQQKPGKGLKLLIYDVSSLESGVPSRFSGSGSGRDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFKSYPWTFGQGTKVEIK
324	IMPI-034	LCDR1	QGINSG
203	IMPI-034	LCDR2	DVS
93	IMPI-034	LCDR3	QQFKSYPWT
325	IMPI-013	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAACTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA GTTGGGAATAGTGGTAGCATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAAGACACGGCCTTATATTACTGTACAAAAGATTTGGGACTGGG GATTGGCTTTCTACTACGGTTTGGACGTCTGGGGCCAGGGAACCACGGTCACCGTCTCCTCA
326	IMPI-013	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQTPGKGLEWVSGISWNSGSIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCTKDLGLGIGFYYGLDVWGQGTTVTVSS
22	IMPI-013	HCDR1	GFTFDDYA
23	IMPI-013	HCDR2	ISWNSGSI
327	IMPI-013	HCDR3	TKDLGLGIGFYYGLDV
328	IMPI-013	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAAATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTACATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGGTATCAGCTGAAGCCAGGGAAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCAT CCACTTTACAAAGTGGGGGTCCCATCGAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGCACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGGAGCCTGAAGATTTAGCAACTTATTACTGTCTACATCACTACACTTACCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAGTCAAA
329	IMPI-013	VL 도메인 아미노산 서열	AIQMTQSPSSLSTSVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQLKPGKAPKLLIYDASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LEPEDLATYYCLHHYTYPWTFGHGTKVELK

[2989]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
27	IMPI-013	LCDR1	QGIRND
28	IMPI-013	LCDR2	DAS
29	IMPI-013	LCDR3	LHHYTYPWT
330	IMPI-026	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTTTGG AATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
331	IMPI-026	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGFGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
32	IMPI-026	HCDR1	GYSFTSYW
33	IMPI-026	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-026	HCDR3	ARSYNWNYFDY
332	IMPI-026	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAGGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
333	IMPI-026	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFNSYPWTFGQGTKVEIK
37	IMPI-026	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-026	LCDR2	DAS

[2990]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
76	IMPI-026	LCDR3	QQFNSYPWT
334	IMPI-007	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGGT TGGCTCCATCAGCAGAAGTACCTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAGCACCCAATACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGCGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGAGAGGGGTCTAACTG GAACTACTGGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
335	IMPI-007	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISRSTWWSWVRQPPGKGLEWIGEIYHSGSTQYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLSSATAADTAVYYCAGEGSNWNYWGQGTLVTVSS
336	IMPI-007	HCDR1	SGSISRSTW
140	IMPI-007	HCDR2	IYHSGST
337	IMPI-007	HCDR3	AGEGSNWNY
338	IMPI-007	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGAGTTGGTTTCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAACTGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCAGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAGAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATATTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCGCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGCTCAAA
339	IMPI-007	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLSWFQQRPGQSPRRLIYKVSNWDSGVPDRFSGSGSGTDFT LRISRVEAEDIGVYYCMQGTHWPLTFGGGTKVELK
84	IMPI-007	LCDR1	QSLVYSDGNTY
85	IMPI-007	LCDR2	KVS
86	IMPI-007	LCDR3	MQGTHWPLT

[2991]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
340	IMPI-046	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGG ATACAGATTTACCAGTTACTGGATCGGCTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCT ATCCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGC ACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGAGGTCGTATAACTGGAA CTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
341	IMPI-046	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDSDTRYSPSFQGQVTISADKSIS TAYLQWSSLKASDTAMYYCARSYNWNYFDYWGQGTLVTVSS
342	IMPI-046	HCDR1	GYRFTSYW
33	IMPI-046	HCDR2	IYPGDSDT
34	IMPI-046	HCDR3	ARSYNWNYFDY
343	IMPI-046	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCACCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATTACCCTTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
344	IMPI-046	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESGVPPRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFISYPWTFGQGTKVEIK
37	IMPI-046	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-046	LCDR2	DAS
38	IMPI-046	LCDR3	QQFISYPWT
220	IMPI-060	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GGTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTCCCTACTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

[2992]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
221	IMPI-060	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGVTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSYYGMDVWGQGTTVTVSS
3	IMPI-060	HCDR1	GVTVSSNY
14	IMPI-060	HCDR2	IYSGGST
222	IMPI-060	HCDR3	ARDLSYYGMDV
345	IMPI-060	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAAATTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGAGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA GCTGGAGATCAAA
346	IMPI-060	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSKFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYPSSFGQGTKLEIK
8	IMPI-060	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-060	LCDR2	AAS
347	IMPI-060	LCDR3	QQLNSYPSS
348	IMPI-056	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GCTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAAAAACTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGAGGTACACATTTTACGCAGACTCCGTGAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTTTCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTGGGACCCTACGG TGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
349	IMPI-056	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGLTVSSNYMNWVRQAPGKKLEWVSVIYSGGSTFYADSVRGRFTISRDNSKNT LFLQMNSLRAEDSAVYYCARDLGPYGVDVWGQGTTVTVSS

[2993]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
172	IMPI-056	HCDR1	GLTVSSNY
14	IMPI-056	HCDR2	IYSGGST
106	IMPI-056	HCDR3	ARDLGPYGVDV
350	IMPI-056	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCTCTCACCTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
351	IMPI-056	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYPLTFGQGTRLEIK
8	IMPI-056	LCDR1	QGISSY
18	IMPI-056	LCDR2	AAS
10	IMPI-056	LCDR3	QQLNSYPLT
352	IMPI-061	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
353	IMPI-061	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-061	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-061	HCDR2	IYWNGGST

[2994]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
356	IMPI-061	HCDR3	ARGVGATDY
357	IMPI-061	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGCGGCAGCCTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGAAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTAACTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGAGCAAA
358	IMPI-061	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSGSLLAWYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGNSPMCSFGQGTKLESK
359	IMPI-061	LCDR1	QSVSGSL
157	IMPI-061	LCDR2	GAS
360	IMPI-061	LCDR3	QQYGNSPMCS
361	IMPI-062	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGTACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
353	IMPI-062	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-062	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-062	HCDR2	IYWNGGST
356	IMPI-062	HCDR3	ARGVGATDY

[2995]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
362	IMPI-062	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGAGGCAGCTTCTTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTAACTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
363	IMPI-062	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRGSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGNSPMCSFGQGTKLEIK
364	IMPI-062	LCDR1	QSVRGSF
157	IMPI-062	LCDR2	GAS
360	IMPI-062	LCDR3	QQYGNSPMCS
365	IMPI-063	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACATGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
366	IMPI-063	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDMALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-063	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-063	HCDR2	IYWNGGST
356	IMPI-063	HCDR3	ARGVGATDY
367	IMPI-063	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCCGCCTGCAGGGCCAG TGAGAGTGTTAGAGGCAGCTTCTTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAGGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTAATTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA

[2996]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
368	IMPI-063	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSSGERATLACRASESVRGSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGNSPMCSFGQGTKLEIK
369	IMPI-063	LCDR1	ESVRGSF
157	IMPI-063	LCDR2	GAS
360	IMPI-063	LCDR3	QQYGNSPMCS
370	IMPI-064	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
353	IMPI-064	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-064	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-064	HCDR2	IYWNGGST
356	IMPI-064	HCDR3	ARGVGATDY
371	IMPI-064	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTTTTTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTCGCGGCAGCTTCTTAGCCTGGTATCAACAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGT AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTCACTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
372	IMPI-064	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLFLSPGERATLSCRASQSVRGSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGHSPMCSFGQGTKLEIK

[2997]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
364	IMPI-064	LCDR1	QSVRGSF
157	IMPI-064	LCDR2	GAS
373	IMPI-064	LCDR3	QQYGHSPMCS
352	IMPI-065	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
353	IMPI-065	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-065	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-065	HCDR2	IYWNGGST
356	IMPI-065	HCDR3	ARGVGATDY
374	IMPI-065	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGTAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGGGGCAGCTTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTAAATCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
375	IMPI-065	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRGSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGKSPMCSFGQGTNLEIK
364	IMPI-065	LCDR1	QSVRGSF
157	IMPI-065	LCDR2	GAS

[2998]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
376	IMPI-065	LCDR3	QQYGKSPMCS
377	IMPI-066	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATTATGCATGACCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTA ATTGGAATGGAGGTAGCACAGGTTCTGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGACCGAGGACACGGCCTTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGATTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
378	IMPI-066	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMTWVRQAPGKGLEWVSGINWNGGSTGSADSVKGRFTISRDNAKN SLCLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-066	HCDR1	GFTFDDYG
379	IMPI-066	HCDR2	INWNGGST
356	IMPI-066	HCDR3	ARGVGATDY
380	IMPI-066	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGCAGCAGCTTCTTAGCCTGGTACCAGCAAAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCCGCAGGTCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCCATGTCCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
381	IMPI-066	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASRRSTGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGSSPMSSFGQGTKLEIK
382	IMPI-066	LCDR1	QSVSSSF
157	IMPI-066	LCDR2	GAS
383	IMPI-066	LCDR3	QQYGSSPMSS

[2999]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
384	IMPI-067	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAATAGCTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATAT CATATGATGGAAGTAGTAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCGGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATGAGGGGGACTA CGACGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
385	IMPI-067	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGTSLRLSCAASGFTFNSFGMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSSKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDEGDYDDYYYGMDVWGQGTTVTVSS
386	IMPI-067	HCDR1	GFTFNSFG
387	IMPI-067	HCDR2	ISYDGSSK
388	IMPI-067	HCDR3	AKDEGDYDDYYYGMDV
389	IMPI-067	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACGTCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTCTTAGCAGCAGATACTTGGCCTGGTACCACCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC GGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGCAACTCAATCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
390	IMPI-067	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGSLSLSPGERATLSCRASQSLSSRYLAWYHQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS GLEPEDFAVYYCQQYGNSITFGGGTKVEIK
391	IMPI-067	LCDR1	QSLSSRY
157	IMPI-067	LCDR2	GAS
392	IMPI-067	LCDR3	QQYGNSIT
393	IMPI-068	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTTGCTATTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATAT CATATGATGGAAGTGATAAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAACAGCTGCGCCCTTTA CTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

[3000]

[3001]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
394	IMPI-068	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGDVVQPGRSLRLSCAASGFTFSRYGMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSDKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKQLPLYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
395	IMPI-068	HCDR1	GFTFSRYG
113	IMPI-068	HCDR2	ISYDGSDK
396	IMPI-068	HCDR3	AKQLPLYYYYYGMDV
397	IMPI-068	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAACCTCCTATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTTTAATATTTACCCTCACACTTTCGGCCCTGGGACCAA AGTGGATATCAAA
398	IMPI-068	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPNLLIYDASSLESGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQFNIYPHTFGPGTKVDIK
37	IMPI-068	LCDR1	QGISSA
28	IMPI-068	LCDR2	DAS
399	IMPI-068	LCDR3	QQFNIYPHT
400	IMPI-069	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGACCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
401	IMPI-069	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMTWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
354	IMPI-069	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-069	HCDR2	IYWNGGST
356	IMPI-069	HCDR3	ARGVGATDY
402	IMPI-069	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTTTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGACCAG TCAGAATATTAGCGGCAGCTTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAATCTGGCCAGGTTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTAACTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
403	IMPI-069	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLFLSPGERATLSCRTSQNISGSFLAWYQQKSGQVPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGNSPMCSFGQGTKLEIK
404	IMPI-069	LCDR1	QNISGSF
157	IMPI-069	LCDR2	GAS
360	IMPI-069	LCDR3	QQYGNSPMCS
370	IMPI-070	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
353	IMPI-070	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-070	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-070	HCDR2	IYWNGGST

[3002]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
356	IMPI-070	HCDR3	ARGVGATDY
405	IMPI-070	VL 도메인 핵산 서열	GAAAATGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTTTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGCGGCAGCTTCTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATTTATGGTG CATCCAGGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATAATAACTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
406	IMPI-070	VL 도메인 아미노산 서열	ENVLTQSPGTLFLSPGERATLSCRASQSVSGSFLAWYQQKPGQAPRLLIYGASRRATGIPDRFSGSGAGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYNNSPMCSFGQGTKLEIK
407	IMPI-070	LCDR1	QSVSGSF
157	IMPI-070	LCDR2	GAS
408	IMPI-070	LCDR3	QQYNNSPMCS
370	IMPI-071	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTGTGGTACGGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGGCATGAGCTGGGTCCGCCAAGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCTGGTATTT ATTGGAATGGTGGTAGCACAGGTTATGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCGAGAGGAGTGGGAGCTAC AGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
353	IMPI-071	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAASGFTFDDYGMSWVRQAPGKGLEWVSGIYWNGGSTGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCARGVGATDYWGQGTLVTVSS
354	IMPI-071	HCDR1	GFTFDDYG
355	IMPI-071	HCDR2	IYWNGGST
356	IMPI-071	HCDR3	ARGVGATDY

[3003]

[3004]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
409	IMPI-071	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTTTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTCGGGCAGCTTCTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCAATGGTG CATCCAGGAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGT AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAATATGGTAACTCACCCATGTGCAGTTTTGGCCAGGG GACCAAGCTGGAGATCAAA
410	IMPI-071	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLFLSPGERATLSCRASQSVRGSFLAWYQQKPGQAPRLLINGASRRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYGNSPMCSFGQGTKLEIK
364	IMPI-071	LCDR1	QSVRGSF
157	IMPI-071	LCDR2	GAS
360	IMPI-071	LCDR3	QQYGNSPMCS
411	IMPI-072	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATAT CATATGATGGAAGTAGTAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGGGAGCGGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATGAGGGGGACTA CGACGACTACTATTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
412	IMPI-072	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSSKDYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLGAEDTAVYYCAKDEGDYDDYYYGMDVWGQGTTVTVSS
413	IMPI-072	HCDR1	GFTFSSFG
387	IMPI-072	HCDR2	ISYDGSSK
388	IMPI-072	HCDR3	AKDEGDYDDYYYGMDV
414	IMPI-072	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTCTTAGCAGCAGATACTTGGCCTGGTACCACCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCTTCATCTATGGTG CATCCATCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACGGACTTCACTCTCACCATCAGC GGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGTTCAATCACTTTCGGCAGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
415	IMPI-072	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSLSSRYLAWYHQKPGQAPRLFTYGASIRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS GLEPEDFAVYYCQQYGSSITFGRGTKVEIK
391	IMPI-072	LCDR1	QSLSSRY
157	IMPI-072	LCDR2	GAS
416	IMPI-072	LCDR3	QQYGSSIT

[3005]

[3006] 표 1b

[3007] 하기 표 1b는 본 명세서에 기재된 항체의 추가의 아미노산 서열 및 코딩 핵산을 보여준다. 모든 YANG VH 도메인, YANG VL 도메인, YANG CDR, YANG 중쇄 및 YANG 경쇄, 이들을 포함하는 항체, 뿐만 아니라 이들의 코딩 핵산은 본 발명의 예를 나타낸다. CDR은 IMGT 방법에 따라 결정된다.

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
486	YANG-1101	VH 도메인 핵산 서열	CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCAGTAGTAGTTACTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGA GTATCTATTATAGTGGGAGCATTTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAG AACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCAGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGCTGGTTCGGGGA GTTCTTGAAAGCCGATGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
487	YANG-1101	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGSIYYNPSLKSRVTISVDTSK NQFSLKLSSVTAADTAVYYCASWFGEFLKADAFDIWGQGTMVTVSS
488	YANG-1101	HCDR1	GGSISSSSYY
489	YANG-1101	HCDR2	IYYSGSI
490	YANG-1101	HCDR3	ASWFGEFLKADAFDI
491	YANG-1101	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAGCTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTAAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGGTGGTAGCACTTTCGTGGTATTCGG CGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
492	YANG-1101	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYSYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSKRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCCSYAGGSTFVVFGGGTKLTVL
493	YANG-1101	LCDR1	SSDVGGYSY
203	YANG-1101	LCDR2	DVS
494	YANG-1101	LCDR3	CSYAGGSTFVV

[3008]

SEQ ID NO	서열	설명	클론 ID
495	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGCCACAACTAATTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGGAGGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTTTCATATTGGATATACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAATTCTCCCTGAAGCTGAATTCCGTGACCGTCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAAGAGTGGTCATGGA CACAGCTATGGCCCACTTTGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	VH 도메인 핵산 서열	YANG-1102
496	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSISTTNWWSWVRQSPGRGLEWIGEIFHIGYTNYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLKLNSVTVADTAVYYCARRVVMDTAMAHFDCWGQGTLVTVSS	VH 도메인 아미노산 서열	YANG-1102
497	GGSISTTNW	HCDR1	YANG-1102
498	IFHIGYT	HCDR2	YANG-1102
499	ARRVVMDTAMAHFDC	HCDR3	YANG-1102
500	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCAG CTCCAACATCGGGGCAGGTTATGATGTACACTGGTACCAGCACCTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATA TTAACATCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGTCATC GCTGGGCTCCAGGCTGAAGATGGGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGTCTGAGTGGTTGGGTGTTCGG CGGGGGGACCAGGCTGACCGTCCTA	VL 도메인 핵산 서열	YANG-1102
501	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDVHWYQHLPGTAPKLLIYINLNRPSGVPDRFSGSKSGTSASLVI AGLQAEDGADYYCQSYDSSLSGWVFGGGTRLTVL	VL 도메인 아미노산 서열	YANG-1102
502	SSNIGAGYD	LCDR1	YANG-1102
503	INL	LCDR2	YANG-1102
504	QSYDSSLSGWV	LCDR3	YANG-1102

[3009]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
505	YANG-1103	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGATGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GCTCACCGTCAGTAGTAATTACATGAGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGACCGATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAAGACACGGCCGTATATTACTGTGCGCGAGAAAACTGGAACTACGT TTTTGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
506	YANG-1103	VH 도메인 아미노산 서열	EVQMVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGLTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYADSVKDRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARENWNYVFDCWGQGTLVTVSS
172	YANG-1103	HCDR1	GLTVSSNY
14	YANG-1103	HCDR2	IYSGGST
507	YANG-1103	HCDR3	ARENWNYVFDC
508	YANG-1103	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTCACCCTATCATCTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
509	YANG-1103	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSHPIIFGQGTRLEIK
8	YANG-1103	LCDR1	QGISSY
18	YANG-1103	LCDR2	AAS
510	YANG-1103	LCDR3	QQLNSHPII

[3010]

[3011]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
511	YANG-1105	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGGTGGTAGAATCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG AATCACCGTCAGTAGAAACTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGATGACACGGCGGTGTATTACTGTGCGAGAGAAGGGTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
512	YANG-1105	VH 도메인 아미노산 서열	EVQVVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGITVSRNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRADDTGVYYCAREGYGMDVWGQGTTVTVSS
513	YANG-1105	HCDR1	GITVSRNY
14	YANG-1105	HCDR2	IYSGGST
514	YANG-1105	HCDR3	AREGYGMDV
515	YANG-1105	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATTTATTCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAACAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTATTGTCAACAGCTTAATAGTCACCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA GCTGGAGATCAAA
516	YANG-1105	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYSASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTINS LQPEDFATYYCQQLNSHPCSFGQGTKLEIK
8	YANG-1105	LCDR1	QGISSY
517	YANG-1105	LCDR2	SAS
518	YANG-1105	LCDR3	QQLNSHPCS

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
519	YANG-1106	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCCTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGA ATTCATCGTCAGTTGGCAACTACATGAGTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATTCTACGCAGACTCCGTGAGGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAAAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACTACGGTGACCAGTA CTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
520	YANG-1106	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASEFTVSRNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYADSVRGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARDYGDQYFDYWGQGTLVTVSS
521	YANG-1106	HCDR1	EFTVSRNY
14	YANG-1106	HCDR2	IYSGGST
522	YANG-1106	HCDR3	ARDYGDQYFDY
523	YANG-1106	VL 도메인 핵산 서열	GAAATGGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCTGTCTGTCTCCAGGGGAAAAAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGACTGTTAGCACCAACTTAGCCTGGTACCAACAGAAACCTGGCCAGTCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAT CCACCAGGGCCACTGGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGTCTGAAGATTTTGCAATTTATTACTGTCAGCAATATGTTTGACTGGCCTCGGAGGTTCGGCCAAGGGACCAC GGTGGAAATCAAA
524	YANG-1106	VL 도메인 아미노산 서열	EMVMTQSPATLSVSPGEKATLSCRASQTVSTNLAWYQQKPGQSPRLLIYGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISS LQSEDFAIYYCQQYVDWPRTFGQGTTVEIK
525	YANG-1106	LCDR1	QTVSTN
157	YANG-1106	LCDR2	GAS
526	YANG-1106	LCDR3	QQYVDWPRT

[3012]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
527	YANG-1107	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGATGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGTCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GCTCAGCGTCAGTAGCAACTACATGAGTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTCGCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGTATATTCTATGCAGACTCCGTGAAGGACCGATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGAACACG CTTTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGAGAACTGGAACTACGT TTTTTGACTGCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
528	YANG-1107	VH 도메인 아미노산 서열	EVQMVESGGGLIQSGGSLRLSCAASGLSVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVAVIYSGGSIFYADSVKDRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARENWNYVFDCWGQGTLVTVSS
529	YANG-1107	HCDR1	GLSVSSNY
530	YANG-1107	HCDR2	IYSGGSI
507	YANG-1107	HCDR3	ARENWNYVFDC
531	YANG-1107	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTTGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCACTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAGTAGTCACCCTATCATCTTTCGGCCAAGGGACACG ACTGGAGATTAAA
532	YANG-1107	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISTYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLSSHPIIFGQGTRLEIK
176	YANG-1107	LCDR1	QGISTY
18	YANG-1107	LCDR2	AAS
533	YANG-1107	LCDR3	QQLSSHPII

[3013]

[3014]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
534	YANG-1108	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAATCTGGGGGAGGCGTGGTCCACCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGTAGTCTCTGG ATTCACCTTCAGTGGCTATGGCATGTACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTCATAT CAAAGGATGGAAGTGATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATTTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACACTGAATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTTTTACTGTGCGAAAGAAGGACTTTCCA AGGTTCGGGGAGTTATTATAACAACTACTTTTATTATGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA
535	YANG-1108	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVHPGRSLRLSCVVSGFTFSGYGMYWVRQAPGKGLEWVAVISKDGSDKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLNLQMNSLRAEDTAVFYCAKERTFQGSGSYYNNYFYYGMDVWGQGTTVTVSS
536	YANG-1108	HCDR1	GFTFSGYG
537	YANG-1108	HCDR2	ISKDGSDK
538	YANG-1108	HCDR3	AKERTFQGSGSYYNNYFYYGMDV
539	YANG-1108	VL 도메인 핵산 서열	GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCTCCTAACCTCCTGATCTATGATGCCT CCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATTTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAACAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAAGTTATTATTGTCAACAGTTTAAGAGTTATCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAG
540	YANG-1108	VL 도메인 아미노산 서열	AIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPNLLIYDASSLESGVPSRFSGSGFGTDFTLTINS LQPEDFASYYCQQFKSYPLTFGGGTKVEIK
541	YANG-1108	LCDR1	QGISSA
28	YANG-1108	LCDR2	DAS
542	YANG-1108	LCDR3	QQFKSYPLT

SEQ ID NO	설명	클론 ID	서열
543	VH 도메인 핵산 서열	YANG-1109	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGGAGTCTCAGG ACTCACCGTCAGTAGAAACTATATGAATTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAAAACACG CTGTATCTTCAAATGATCAGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGGGCGTGTATTACTGTGCGCGAGAGGATTTGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
544	VH 도메인 아미노산 서열	YANG-1109	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCGVSGLTVSRNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMISLRAEDSGVYYCAREGFGMDVWGQGTTVTVSS
545	HCDR1	YANG-1109	GLTVSRNY
14	HCDR2	YANG-1109	IYSGGST
546	HCDR3	YANG-1109	AREGFGMDV
547	VL 도메인 핵산 서열	YANG-1109	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAATTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATTCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAAC CTGCAGCCTGCAGATATTGCAACTTATTACTGTCAACTCCTTAATAGTCATCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA GCTGGAGATCAAA
548	VL 도메인 아미노산 서열	YANG-1109	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISNYLAWYQQKPGKAPKLLIYSASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISN LQPADIATYYCQLLNSHPCSFGQGTKLEIK
549	LCDR1	YANG-1109	QGISNY
517	LCDR2	YANG-1109	SAS
550	LCDR3	YANG-1109	QLLNSHPCS

[3015]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
551	YANG-1110	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGCGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGTAGTCTCTGG ATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGCCTGGAGTGGGTGGTTATTTATAT CAAATGATGGAAGTAATGAAGACTTTGTAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGGAGGGTATTTCTA TGGTTCGGGGAATTATTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
552	YANG-1110	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLAESGGGVVQPGRSLRLSCVVSGFTFSNYGMHWVRQAPGKGLEWVVFISNDGSNEDFVDSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKGGYFYGSGNYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
553	YANG-1110	HCDR1	GFTFSNYG
554	YANG-1110	HCDR2	ISNDGSNE
555	YANG-1110	HCDR3	AKGGYFYGSGNYYYYGMDV
556	YANG-1110	VL 도메인 핵산 서열	CAGCCTGTGCTGACTCAATCATCCTCTGCCTCTGCTTCCCTGGGATCCTCGGTCAAGCTCACCTGCACACTCTGAGCAG TGTGCACAGTAACCACATCATCGCATGGCATCAGCAGCAGCCAGGGAAGGCCCCTCGGTACTTGATGAAGCTTGAAG GTAGTGGAAGGTACAGTAAGGGAGCGGAGTTCCTGATCGCTTCTCAGGCTCCAGCTCTGAGGCTGACCGCTACCTC ACCATCTCCAACCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGAGACCTGGGACAATAATACTTATGTCTTCGG ATCTGGGACCAAGTCACCGTCCTA
557	YANG-1110	VL 도메인 아미노산 서열	QPVLTQSSSASASLGSSVKLTCTLSSVHSNHIIAWHQQQPGKAPRYLMKLEGSGRYSKGSGVPDRFSGSSSEADRYL TISNLQSEDEADYYCETWDNNTYVFGSGTKVTVL
558	YANG-1110	LCDR1	SVHSNHI
559	YANG-1110	LCDR2	LEGSGRY
560	YANG-1110	LCDR3	ETWDNNTYV

[3016]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
561	YANG-1111	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGATACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATAAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTCATTA GTGGTAGTAGTACTACCATATACTACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTGCCAAGAAC TCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGACGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGCCTCCGATCGAG TATAGCACCTCGTCCGGACTACTTTGACTCCTGGGGCCAGGGAATTTTGGTCACCGTCTCCTCA
562	YANG-1111	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTFSSYSINWVRQAPGKGLEWVSFISGSSTTIYYADSVKGRFTISRDSAKN SLYLQMNSLRDEDTAVYYCARGLRSSIAPRPDYFDSWGQGILVTVSS
563	YANG-1111	HCDR1	GFTFSSYS
564	YANG-1111	HCDR2	ISGSSTTI
565	YANG-1111	HCDR3	ARGLRSSIAPRPDYFDS
566	YANG-1111	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGTACTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCAGTGGCCCCAGGAAAGACGGGCCAGGATTACCTGTGGGGGAAACAA CATTGGAAGTAAAGGTGTACACTGGTACCAGCAGAAGCCAGGCCCCTGTACTGGTCATCTATTATGATAGCG ACCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGGAACACGGCCACCCTGACCATCAGCAGGGTC GAAGCCGGGGATGAGGCCGACTATTCCTGTCAGGTGTGGGATAGTAGTAGTGATCATCCGGTATTCGGCGGAGGGAC CAAGCTGACCGTCCAA
567	YANG-1111	VL 도메인 아미노산 서열	SYVLTQPPSVSVAPGKTARITCGGNNIGSKGVHWYQQKPGQAPVLVIYYDSDRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISRV EAGDEADYSCQVWDSSSDHPVFGGGTKLTVQ
2364	YANG-1111	LCDR1	NIGSKG
568	YANG-1111	LCDR2	YDS
569	YANG-1111	LCDR3	QVWDSSSDHPV

[3017]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
570	YANG-1112	VH 도메인 핵산 서열	CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTACGCTGGTGAAACCCACACAGACCCTCACGCTGACCTGCACCTTCTCTGG GTTCTCACTCAGCACTGGTGGAGTGGCTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGAAAGGCCCTGGAGTGGCTTGCAA TCATTTATTGGGATGATGATAAGCGTTACAGCCCATCTCTGAAGAGCAGGCTCACCATCACCAAGGACACCTCCAAA AACCAGGTGGTCCTTACAATGACCAACATGGACCCTGTGGACACAGCCACATATTACTGTGCACACTGGGGAAAAGA TTCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
571	YANG-1112	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTGGVAVGWIRQPPGKALEWLAIIYWDDDKRYSPSLKSRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHWGKDSFDIWGQGTMVTVSS
572	YANG-1112	HCDR1	GFSLSTGGVA
573	YANG-1112	HCDR2	IYWDDDK
574	YANG-1112	HCDR3	AHWGKDSFDI
575	YANG-1112	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAGCTGACACAGCCACCCTCGGTGTCAGTGTCCCCAGGACAAACGGCCAGGATCACCTGCTCTGGAGATGC ATTGCCAAGAAAATATGCTTATTGGTACCAGCAGAAGTCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATGAGGACAATA ACCGACCCTCCGGGATCCCTGAGAGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGGACAACGGCCACCTTGACTGTCAGTGGGGCC CAGGTGGAAGATGAAGCTGACTACTACTGTTACTCAACAGACACCAGTGGTTATGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAA GTTGACCGTCCTA
576	YANG-1112	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVSPGQTARITCSGDALPRKYAYWYQQKSGQAPVLVIYEDNNRPSGIPERFSGSSSGTTATLTVSGA QVEDEADYYCYSTDTSGYVVFGGGTKLTVL
577	YANG-1112	LCDR1	ALPRKY
578	YANG-1112	LCDR2	EDN
579	YANG-1112	LCDR3	YSTDTSGYVV

[3018]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
580	YANG-1112a	VH 도메인 핵산 서열	CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTACGCTGGTGAAACCCACACAGACCCTCACGGTGACCTGCACCTTCTCTGG GTTCTCACTCACCCACTGGTGGAGAGGCTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGAAAGGCCCTGGAGTGGCTTGCAA TCATTTATTGGGATGATAAGCGTTACAGCCCATCTCTGAAGAGCAGGCTCACCATCACCAAGGACACCTCCAGA AACCAGGTGGTCCTTATAAATGACCCAACATGGACCCTATGGACACAGCCACATATTACTGTGCACACTGGGGAAAAGA TTCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
581	YANG-1112a	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTVTCTFSGFSLTTGGEAVGWIRQPPGKALEWLAIIYWDDDKRYSPSLKSRLTITKDTSR NQVVLIMTNMDPVDTATYYCAHWGKDSFDIWGQGTMVTVSS
582	YANG-1112a	HCDR1	GFSLTTGGEA
583	YANG-1112a	HCDR2	IYWDDDK
584	YANG-1112a	HCDR3	AHWGKDSFDI
585	YANG-1112a	VL 도메인 핵산 서열	TCCCATGAGCTGACACAGCCACCCTCGGTGTCAGTGTCCCCAGGACAAACGGCCAGGATCACCTGCTCTGGAGATGA ATTGTCAAGAAAATATGCTTATTGGTACCAGCAGAAGTCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATGAGGACAACA AACGACCCTCCGGGATCCCTGAGAGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGGACAACGGCCACCTTGACTGTCAGTGGGGCC CAGGTGGACGATGAAGCTGACTACTACTGTTACTCAACAGACACCAGTGGTTATGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAA GTTGACCGTCCTA
586	YANG-1112a	VL 도메인 아미노산 서열	SHELTQPPSVSVSPGQTARITCSGDELSRKYAYWYQQKSGQAPVLVIYEDNKRPSGIPERFSGSSSGTTATLTVSGA QVDDEADYYCYSTDTSGYVVFGGGTKLTVL
587	YANG-1112a	LCDR1	ELSRKY
578	YANG-1112a	LCDR2	EDN
588	YANG-1112a	LCDR3	YSTDTSGYVV

[3019]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
589	YANG-1112b	VH 도메인 핵산 서열	CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTACGCTGGTGAAACCCACACAGACCCTCACGCTGACCTGCACCTTCTCTGG GTTCTCACTCACCACTGCTGGAGCGGCTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGAAAGGCCCTGGAATGGCTTGCAA TCATTTACTGGGATGATGATAAGCGTTACAGTCCATCTCTGAAGAACAGGCTCACCATCACCAAGGACACCTCCAAA AACCAGGTTGTCCTTACAATGACCAACATGGACCCTGTGGACACAGCCACATATTACTGTGCACACTGGGGAAAAGA TTCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
590	YANG-1112b	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLTTAGAAVGWIRQPPGKALEWLAIIYWDDDKRYSPSLKNRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHWGKDSFDIWGQGTMVTVSS
591	YANG-1112b	HCDR1	GFSLTTAGAA
592	YANG-1112b	HCDR2	IYWDDDK
593	YANG-1112b	HCDR3	AHWGKDSFDI
594	YANG-1112b	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAGCTGACACAGCCACCCTCGGTGTCAGTGCCCCCAGGACAAACGGCCAGGATCACCTGCTCTGGAGATGC ATTGCCAACAAAATATGCTTATTGGTACCAGCAGAAGTCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATGAGGACAACA AACGACCCTCCGGGATCCCTGAGAGATTCTTGGCTCCAGCTCAGGGACAACGGCCACCTTGACTGTCAGTGGGGCC CAGGTGGAGGATGAAGCTGACTTCTACTGTTATTCAACAGACACCAGTGGTTATGTAGTATTCGGCGGAGGGACCAA GTTGACCGTCCTA
595	YANG-1112b	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVPPGQTARITCSGDALPTKYAYWYQQKSGQAPVLVIYEDNKRPSGIPERFSGSSSGTTATLTVSGA QVEDEADFYCYSTDTSGYVVFGGGTKLTVL
596	YANG-1112b	LCDR1	ALPTKY
578	YANG-1112b	LCDR2	EDN
597	YANG-1112b	LCDR3	YSTDTSGYVV

[3020]

[3021]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
598	YANG-1112c	VH 도메인 핵산 서열	CAGATCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTACGCTGGTGAAACCCACACAGACCCTCACGGTGACCTGCACCTTCTCTGG GTTCTCACTCAGCACTGGTGGAGAGGCTGTGGGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGAAAGGCCCTGGAGTGGCTTGCAA TCATTTATTGGGATGATAAGCGTTACAGCCCATCTCTGAAGAGTAGGCTCACCATCACCAAGGACACCTCCAAA AACCAGGTGGTCCTTACAATGACCCAACATGGACCCTATGGACACAGCCACATATTACTGTGCACACTGGGGAAAAGA TTCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
599	YANG-1112c	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTVTCTFSGFSLSTGGEAVGWIRQPPGKALEWLAIIYWDDDKRYSPSLKSRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPMDTATYYCAHWGKDSFDIWGQGTMVTVSS
600	YANG-1112c	HCDR1	GFSLSTGGEA
601	YANG-1112c	HCDR2	IYWDDDK
602	YANG-1112c	HCDR3	AHWGKDSFDI
603	YANG-1112c	VL 도메인 핵산 서열	TCCCATGAGCTGACACAGCCACCCTCGGTGTCAGTGTCCCCAGGACAAACGGCCAGGATCACCTGCTCTGGAGATGA ATTGTCAAGAAAATATGCTTATTGGTACCAGCAGAAGTCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATGAGGACAACA AACGACCCTCCGGGATCCCTGAGAGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGGACAACGGCCACCTTGACTGTCAGTGGGGCC CAGGTGGACGATGAAGCTGACTACTACTGTTACTCAACAGACACCAGTGGTTATGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAA GTTGACCGTCCTA
604	YANG-1112c	VL 도메인 아미노산 서열	SHELTQPPSVSVSPGQTARITCSGDELSRKYAYWYQQKSGQAPVLVIYEDNKRPSGIPERFSGSSSGTTATLTVSGA QVDDEADYYCYSTDTSGYVVFGGGTKLTVL
605	YANG-1112c	LCDR1	ELSRKY
578	YANG-1112c	LCDR2	EDN
606	YANG-1112c	LCDR3	YSTDTSGYVV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
607	YANG-1113	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTA GTACTGGTAGTAGTTACATATTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATGTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTATCTACAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAAGACACAGCTGTGTATTACTGTGCGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
608	YANG-1113	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTMSRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKTGDLPFFDYWGQGTPVTVSS
609	YANG-1113	HCDR1	GFTFSSYS
610	YANG-1113	HCDR2	ISTGSSYI
611	YANG-1113	HCDR3	AKTGDLPFFDY
612	YANG-1113	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCAGCACTATGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGTTGACTGTCTTA
613	YANG-1113	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCSSYTSSSTMVFGGGTKLTVL
614	YANG-1113	LCDR1	SSDVGRYNY
615	YANG-1113	LCDR2	EVS
616	YANG-1113	LCDR3	SSYTSSSTMV

[3022]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
617	YANG-1114	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGTGGGAGGCCTGGTCAAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTA GTACTGGGAGTAGTTACATATTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACAGCTGTGTATTACTGTGCGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
618	YANG-1114	VH 도메인 아미노산 서열	EVHLVESVGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKTGDLPFFDYWGQGTLVTVSS
619	YANG-1114	HCDR1	GFTFSSYS
620	YANG-1114	HCDR2	ISTGSSYI
621	YANG-1114	HCDR3	AKTGDLPFFDY
622	YANG-1114	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCAGCACTATGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
623	YANG-1114	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCSSYTSSSTMVFGGGTKLTVL
624	YANG-1114	LCDR1	SSDVGRYNY
615	YANG-1114	LCDR2	EVS
616	YANG-1114	LCDR3	SSYTSSSTMV

[3023]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2365	YANG-1115	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCGTCCATTA GTACTGGTAGTAGTTACATATTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACAGCTGTATATTACTGTGCGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
2366	YANG-1115	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKTGDLPFFDYWGQGTLVTVSS
619	YANG-1115	HCDR1	GFTFSSYS
620	YANG-1115	HCDR2	ISTGSSYI
621	YANG-1115	HCDR3	AKTGDLPFFDY
2367	YANG-1115	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTCGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCAGCACTATGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGTCCGTCCTA
2368	YANG-1115	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCSSYTSSSTMVFGGGTKLSVL
624	YANG-1115	LCDR1	SSDVGRYNY
615	YANG-1115	LCDR2	EVS
625	YANG-1115	LCDR3	SSYTSSSTMV

[3024]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
626	YANG-1116	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTACAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGAAGCCTCTGG ATTCAATTTCAGAAGCTATGCCCTGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTA GTACTGGTAGTAGTTACATATTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTCTCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACAGCTGTGTATTACTGTGCGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
627	YANG-1116	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCEASGFNFRSYALNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTISRDNAKN SLSLQMNSLRAEDTAVYYCAKTGDLPFFDYWGQGTLVTVSS
628	YANG-1116	HCDR1	GFNFRSYA
629	YANG-1116	HCDR2	ISTGSSYI
630	YANG-1116	HCDR3	AKTGDLPFFDY
631	YANG-1116	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTCGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCAGCACTATGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
632	YANG-1116	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCISYTSSSTMVFGGGTKLTVL
633	YANG-1116	LCDR1	SSDVGRYNY
615	YANG-1116	LCDR2	EVS
634	YANG-1116	LCDR3	ISYTSSSTMV

[3025]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
635	YANG-1117	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATAGCGTGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTA GTACTGGTAGTAGTTACATTTTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACAGCTGTGTATTACTGTGTGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
636	YANG-1117	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSVNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTAVYYCVKTGDLPFFDYWGQGTLVTVSS
637	YANG-1117	HCDR1	GFTFSSYS
638	YANG-1117	HCDR2	ISTGSSYI
639	YANG-1117	HCDR3	VKTGDLPFFDY
640	YANG-1117	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG AAGTGACGTTGGTCGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCACTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAACAACAGCACTATGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
641	YANG-1117	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTRSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVTNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCSSYTNNSTMVFGGGTKLTVL
642	YANG-1117	LCDR1	RSDVGRYNY
643	YANG-1117	LCDR2	EVT
644	YANG-1117	LCDR3	SSYTNNSTMV

[3026]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
645	YANG-1118	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTACAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATGCCCTGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTA GTACTGGTAGTAGTTACATATTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGCAC TCACTGTCTCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACAGCTGTGTATTACTGTGCGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
646	YANG-1118	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYALNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTISRDNAKH SLSLQMNSLRAEDTAVYYCAKTGDLPFFDYWGQGTLVTVSS
647	YANG-1118	HCDR1	GFTFSSYA
648	YANG-1118	HCDR2	ISTGSSYI
649	YANG-1118	HCDR3	AKTGDLPFFDY
650	YANG-1118	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTCGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCATCTCATATACAAGCAGCAGCACTATGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGTTGACCGTCCTA
651	YANG-1118	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCISYTSSSTMVFGGGTKLTVL
652	YANG-1118	LCDR1	SSDVGRYNY
615	YANG-1118	LCDR2	EVS
653	YANG-1118	LCDR3	ISYTSSSTMV

[3027]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
654	YANG-1119	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTA GTACTGGTAGTAGTTACATATTCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACAGCTGTGTATTACTGTGCGAAAACTGGGGATCTTCC TTTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
655	YANG-1119	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISTGSSYIFYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKTGDLPFFDYWGQGTLVTVSS
656	YANG-1119	HCDR1	GFTFSSYS
657	YANG-1119	HCDR2	ISTGSSYI
658	YANG-1119	HCDR3	AKTGDLPFFDY
659	YANG-1119	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAATCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAGCAGTAGCACGATGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
660	YANG-1119	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEADYYCSSYTSSSTMVFGGGTKLTVL
661	YANG-1119	LCDR1	SSDVGRYNY
615	YANG-1119	LCDR2	EVS
662	YANG-1119	LCDR3	SSYTSSSTMV

[3028]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
663	YANG-1201	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGACTCCATCAGTAATAGTAAATGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTTTCATAGTGGGAGCACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATTTCAGTAGACAAGTCCCAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGATCAGCATCTCTTTA TTACTACTACGGTGTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
664	YANG-1201	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGDSISNSKWWSWVRQPPGKGLEWIGEIFHSGSTNYNPSLKSRVTISVDKSQN QFSLKLNSVTAADTAVYYCARSASLYYYGVDVWGQGTTVTVSS
665	YANG-1201	HCDR1	GDSISNSKW
666	YANG-1201	HCDR2	IFHSGST
667	YANG-1201	HCDR3	ARSASLYYYGVDV
668	YANG-1201	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTCTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAGAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGCAACAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTA CATCCAGGAGGGACACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAGGATTTTGCAGTGTATTACTGTGAGCAGTATGGTAGTTTGCCTCGGACGTTCGGCCAAGGGAC CAAGGTGGAAATCAAA
669	YANG-1201	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNNYLAWYQQKPGQAPRLLIYGTSRRDTGIPDRFSGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCEQYGSLPRTFGQGTKVEIK
670	YANG-1201	LCDR1	QSVSNNY
671	YANG-1201	LCDR2	GTS
672	YANG-1201	LCDR3	EQYGSLPRT

[3029]

[3030]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
673	YANG-1202	VH 도메인 핵산 서열	GAGATGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTAGTAGTTTTTGGATGCGCTGGGTCCGTCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAATATAA AGCAAGATGGAACTGAGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCACTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGTGAGAGATCGGGTCGGGGG GGACTATTACTACGATATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
674	YANG-1202	VH 도메인 아미노산 서열	EMQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSFWMRWVRQAPGKGLEWVANIKQDGTEKYYVDSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRDRVGGDYYYYDMDVWGQGTTVTVSS
675	YANG-1202	HCDR1	GFTFSSFW
676	YANG-1202	HCDR2	IKQDGTEK
677	YANG-1202	HCDR3	VRDRVGGDYYYYDMDV
678	YANG-1202	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGACATTAGCAATTATTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCAT CCAGTTTGCAAAGGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCGGC CTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTATTACTGTCAACAGTATAATAGTTACCCTCGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
679	YANG-1202	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLAWFQQKPGKAPKSLIYAASSLQSGVPSKFSGSGSGTDFTLTISG LQPEDSATYYCQQYNSYPRTFGQGTKVEIK
680	YANG-1202	LCDR1	QDISNY
18	YANG-1202	LCDR2	AAS
681	YANG-1202	LCDR3	QQYNSYPRT

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
682	YANG-1203	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCGGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGCCTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCATCTTTGATGGTTATGCCATGCACTGGGTCCGGCAAGTTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTA GTTGGAATAGTGGTAACATAGGCTATGCGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGCAAAAGATATAAGGCCTTC GGGAAAGTACTATTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
683	YANG-1203	VH 도메인 아미노산 서열	EVRLVESGGALVQPGRSLRLSCAASGFIFDGYAMHWVRQVPGKGLEWVSGISWNSGNIGYADSVKGRFTISRDNAKN SLYLQMNSLRAEDTALYYCAKDIRPSGKYYYGMDVWGQGTTVTVSS
684	YANG-1203	HCDR1	GFIFDGYA
685	YANG-1203	HCDR2	ISWNSGNI
686	YANG-1203	HCDR3	AKDIRPSGKYYYGMDV
687	YANG-1203	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCAGGGCAAG TCAGGACATTAGAAACTATTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCAT CCAATTTGGAAACAGGGGTCCCATCGAGGTTCAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATATTGCAACATATTACTGTCAACAGTATGATAAGCTCCCTTTTCATTTTCGGCCCTGGGACCAA AGTGGATATCAAA
688	YANG-1203	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIRNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTISS LQPEDIATYYCQQYDKLLFTFGPGTKVDIK
689	YANG-1203	LCDR1	QDIRNY
28	YANG-1203	LCDR2	DAS
690	YANG-1203	LCDR3	QQYDKLLFT

[3031]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
691	YANG-1204	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGTCTCTGG ATTCACCTTCAGTAACTATGGCATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGTGTGGGTGGCAGTTATAT CATATGAAGGAAGTATTAAATATTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGCAGTGGCTGG CAATGATGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGTACAATGGTCACCGTCTCTTCA
692	YANG-1204	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAVSGFTFSNYGIHWVRQAPGKGLVWVAVISYEGSIKYYGDSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGAVAGNDAFDIWGQGTMVTVSS
693	YANG-1204	HCDR1	GFTFSNYG
694	YANG-1204	HCDR2	ISYEGSIK
695	YANG-1204	HCDR3	ARGAVAGNDAFDI
696	YANG-1204	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCTTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAAAGCCTCGTATACAGTGATGGAAACACCTACTTGATTTGTTTCCAGCAGAGGCCAGGCCAATCTCCAAGGCGCC TAATTTATAAGGTTTCTAATCGGGACTCTGGGGTCCCAGACAGATTCAGCGGCGGTGGGTCAGGCACTGATTTCACA CTGAAAATCAGCAGGGTGGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTACACACTGGCCTCTCACTTT CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
697	YANG-1204	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGNTYLIWFQQRPGQSPRRLIYKVSNRDSGVPDRFSGGGSGTDFT LKISRVEAEDVGVYYCMQGTHWPLTFGGGTKVEIK
698	YANG-1204	LCDR1	QSLVYSDGNTY
85	YANG-1204	LCDR2	KVS
699	YANG-1204	LCDR3	MQGTHWPLT
700	YANG-1205	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAAGGCATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTGTATACACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGATAATCA ACCCTAGTGGTGGTGGCACAATCTTCGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGACC ACAGTCTACATGGAGTTGGGCAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGCGAGGGTGGTCTTACGA TTTTTGGAGTGGCCCTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCTCCGTCTCCTCT

[3032]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
701	YANG-1205	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYCIHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGGTIFAQKFQGRVTMTRDTSTTVYMELGSLRSDDTALYYCARGWSYDFWSGPDYWGQGTLVSVSS
702	YANG-1205	HCDR1	GYTFTSYC
703	YANG-1205	HCDR2	INPSGGGT
704	YANG-1205	HCDR3	ARGWSYDFWSGPDY
705	YANG-1205	VL 도메인 핵산 서열	GATATTGTGATGACCCAGACTCCACTCTCTTTGTCCGTCACCCCTGGACAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAAGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTGATGGAAAGACCTATTTGTATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGCCAGCCTCCACAGCTCCTGATCTATGAAGTTTCCAACCGGTTCTCTGGAGTGCCAGATAGGTTCAGTGGCAGCGGGTCAGGGACAGATTTCACACTGAAAATCAGCCGGGTGGGGGCTGAGGATGTTGGGATTTATTATTGCATGCACAGTATAAAGCTTCCTCCGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
706	YANG-1205	VL 도메인 아미노산 서열	DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLLHSDGKTYLYWYLQKPGQPPQLLIYEVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVGAEDVGIYYCMHSIKLPPTFGQGTKVEIK
707	YANG-1205	LCDR1	QSLLHSDGKTY
615	YANG-1205	LCDR2	EVS
708	YANG-1205	LCDR3	MHSIKLPPT
709	YANG-1206	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCATGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTATCTATGCCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATCATATGATGGAAGTAATAAATATTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGTCTATGGTGGGAGCTACTGGGGGGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
710	YANG-1206	VH 도메인 아미노산 서열	QVHLVESGGGMVQPGRSLRLSCAASGFTFSIYAMHWVRQAPGKGLEWVAVISYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKVYGGSYWGGFDYWGQGTLVTVSS

[3033]

[3034]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
711	YANG-1206	HCDR1	GFTFSIYA
712	YANG-1206	HCDR2	ISYDGSNK
713	YANG-1206	HCDR3	AKVYGGSYWGGFDY
714	YANG-1206	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCACCATCTCCTGCACTGGGAGCCAG CTCCAACATCGGGTCAATTTATGATGTACACTGGTACCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATG GTAACAGCAATCGGCCCTCAGGGGTCCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCGGCCTCCCTGGCCATC ACTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACAGCAGCCTGAGTGGTTCTTGGGTGTT CGGCGGAGGGACCAAGCTGAACGTCCTA
715	YANG-1206	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGTSSNIGSIYDVHWYQQLPGTAPKLLIYGNSNRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAI TGLQAEDEADYYCQSYDTSLSGSWVFGGGTKLNVL
716	YANG-1206	LCDR1	SSNIGSIYD
717	YANG-1206	LCDR2	GNS
718	YANG-1206	LCDR3	QSYDTSLSGSWV
719	YANG-1207	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGG ATTCACCTTCAGTAGTTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGTCAGTTATAT GGTATGATGGAACTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGGAGTGGAATT CACTGGGTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
720	YANG-1207	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVSVIWYDGTNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREGVEFTGYFDYWGQGTLVTVSS
721	YANG-1207	HCDR1	GFTFSSYG
722	YANG-1207	HCDR2	IWYDGTNK

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
723	YANG-1207	HCDR3	AREGVEFTGYFDY
724	YANG-1207	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAA ATTGGGGGATAAATATGCTTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCA AGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACC CAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGACCAGCAACACTGCAGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAA GCTGACCGTCCTA
725	YANG-1207	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACWYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGT QAMDEADYYCQAWTSNTAVVFGGGTKLTVL
726	YANG-1207	LCDR1	KLGDKY
727	YANG-1207	LCDR2	QDS
728	YANG-1207	LCDR3	QAWTSNTAVV
729	YANG-1301	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTCGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGG ATTCACCTTCAGTAGTTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATCT GGTATGATGGAAGTAATAAATTCTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTAAAAGCCGAAGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATACCTGGATCGG GGAGTCCGATACTAGCTGGCTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
730	YANG-1301	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKFYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLKAEDTAVYYCARDTWIGESDTSWLDPWGQGTLVTVSS
731	YANG-1301	HCDR1	GFTFSSYG
732	YANG-1301	HCDR2	IWYDGSNK
733	YANG-1301	HCDR3	ARDTWIGESDTSWLDP

[3035]

[3036]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
734	YANG-1301	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCGGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAA ATTGGGGGATAAATATGCTTGCTGGTATCAACAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTGTATTAATCGTCTATCAAGATAGCA AGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACC CAGGCTATGGATGAGGCTGATTATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCTTCACTGCCGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAA GCTGACCGTCCTA
735	YANG-1301	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACWYQQKPGQSPVLIVYQDSKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGT QAMDEADYYCQAWDSFTAVVFGGGTKLTVL
736	YANG-1301	LCDR1	KLGDKY
727	YANG-1301	LCDR2	QDS
737	YANG-1301	LCDR3	QAWDSFTAVV
738	YANG-1302	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGCGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTAGAGCGTCTGG ATTCACCTTCAGTAGTTTTGGCATGAATTGGGTCCGCCAGGTTCCAGGCAAGGGGCTGGTATGGGTGGCAGGTATAT GGTATGATGGAAGTAATAAGTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAT ATGCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAAGATAGTGG TTTCGATGGCAACTGGTTCGGCCCCTGGGGCCAGGGAACCATGGTCACCGTCTCCTCA
739	YANG-1302	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGAVQPGRSLRLSCRASGFTFSSFGMNWVRQVPGKGLVWVAGIWYDGRNKYYADSVKGRFTISRENSKN MLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQDSGFDGNWFGPWGQGTMVTVSS
740	YANG-1302	HCDR1	GFTFSSFG
741	YANG-1302	HCDR2	IWYDGRNK
742	YANG-1302	HCDR3	ARDQDSGFDGNWFGP
743	YANG-1302	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAACTGACTCAGCCACCCTCAATGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAA CTTGGGGGATAAATATGTTTGCTGGTATCAACAGAGGCCAGGCCAGTCCCCTGTGATGGTCATCTTTCAAGATAGCA CGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGAAACACAGCCACTCTGACCATCAGCGGGACC CAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAACACTGCGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCT GACCGTCCTA

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
744	YANG-1302	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSMSVSPGQTASITCSGDNLGDKYVCWYQQRPGQSPVMVIFQDSTRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISGT QAMDEADYYCQAWDSNTAVFGGGTKLTVL
745	YANG-1302	LCDR1	NLGDKY
727	YANG-1302	LCDR2	QDS
746	YANG-1302	LCDR3	QAWDSNTAV
747	YANG-1303	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAACTGAGATGAAGGAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGG TTACACCTTTACCAACTATGGTATCACCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGCTCA ACACTAACAATGGGGACACAAACTATGCTCAGAAACTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATCCACGAGC ACAGCCTACATGGAACTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGCGAGACTCGGTGACTAC GTATTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
748	YANG-1303	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGTEMKEPGASVKVSCKASGYTFTNYGITWVRQAPGQGLEWMGWLNTNNGDTNYAQKLQGRVTMTTDTSTS TAYMELRSLRSDDTAVYYCARDSVTTYDYWGQGTLVTVSS
749	YANG-1303	HCDR1	GYTFTNYG
750	YANG-1303	HCDR2	LNTNNGDT
751	YANG-1303	HCDR3	ARDSVTTYDY
752	YANG-1303	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAACTGACACAGCCACCCTCGGTGTCAGTGTCCCCAGGACAAACGGGCCAGGATCACCTGCTCTGGAGATGC ATTGCCAAAAAATATGCTTATTGGTTCCAGCAGAAGTCAGCCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATGAGGACAGCAA AACGACCCTCCGGGATCCCTGAGAGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGGACAATGGCCACCTTGACTATCAATGGGGCC CAGGTGGAGGATGAAGCTGCCTACTACTGTTATTCATTGGACAGCAGTGGTAATCATTGGGTGTTCGGCGGAGGAC CAAGTTGACCGTCCTA
753	YANG-1303	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVSPGQTARITCSGDALPKKYAYWFQQKSAQAPVLVIYEDSKRPSGIPERFSGSSSGTMATLTINGA QVEDEAAYYCYSLDSSGNHWVFGGGTKLTVL

[3037]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
754	YANG-1303	LCDR1	ALPKKY
755	YANG-1303	LCDR2	EDS
756	YANG-1303	LCDR3	YSLDSSGNHWV
757	YANG-1304	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTTCAACTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGGTGAAGACTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTATGG TGGGTCTTTCAATGATCACTATTGGAGCTGGATCCGACAGCCCCCAGGAAAGGGACTGGAGTGGATTGGGGAAATCA ATCATAGTGGAAGCACCAACTACAATCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCACTGGACACGTCCAAGAACCAG TTCTCCCTCAAGTTGAGGTCTTTGACCGCCGCGGACACGGCTATGTATTACTGTGCGATTGAGGGAATCTGGGGCCA GGGAGCCATGGTCACCGTCTCCTCA
758	YANG-1304	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQQWGAGLVKTSETLSLTCAVYGGSFNDHYWSWIRQPPGKGLEWIGEINHSGSTNYNPSLKSRVTMSLDTSKNQ FSLKLRSLTAADTAMYYCAIEGIWGQGAMVTVSS
759	YANG-1304	HCDR1	GGSFNDHY
760	YANG-1304	HCDR2	INHSGST
761	YANG-1304	HCDR3	AIEGI
762	YANG-1304	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAGCTGACACAGCCACCCTCGGTGTCAGTGTCCCCAGGACAAACGGCCAGGATCACCTGCTCTGGAGATGC ATTGCCAAATTAAATATGTTCATTGGTACCAGCAGAAGTCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATGAGGACAGCA AACGACCCTCCGGGATCCCTGAGAGAATCTCTGGCTCCAGCTCAGGGACAATGGCCACCTTGACTATGAGTGGGGCC CAGGTGGAGGATGAAGCTGACTACTACTGTTACTCAACAGACAGCAGTGGTAATCATTGGGTGTTCGGCGGAGGGAC CAAGCTGACCGTCCTA
763	YANG-1304	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVSPGQTARITCSGDALPIKYVHWYQQKSGQAPVLVIYEDSKRPSGIPERISGSSSGTMATLTMSGA QVEDEADYYCYSTDSSGNHWVFGGGTKLTVL
764	YANG-1304	LCDR1	ALPIKY
755	YANG-1304	LCDR2	EDS

[3038]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
765	YANG-1304	LCDR3	YSTDSSGNHWV
766	YANG-1305	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAAGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCGCCTTCAGTAGCTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCACGGGGCTGGAGTGGTTGGCAATTATAT CATTTGAAGGAACTAAAAAATACTATGCAGACTCCATGAAGGGCCGAATCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGTTTGAGAGCTGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGGCTGACTATGGTGACTA CGACGACTATTACTACGGTGTGCACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
767	YANG-1305	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFAFSSFGMHWVRQAPGTGLEWLAIISFEGTKKYYADSMKGRITISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCAADYGDYDDYYYGVHVWGQGTTVTVSS
768	YANG-1305	HCDR1	GFAFSSFG
769	YANG-1305	HCDR2	ISFEGTKK
770	YANG-1305	HCDR3	AADYGDYDDYYYGVHV
771	YANG-1305	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAAATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCGAG TCAGGGCATTGCCAATTATTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCGGGGAAAGTTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTACAT CCACTTTGCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATGTTGCAATTTATTACTGTCAAAAGTATGACAGTGCCCCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA AGTGGATTTCAAA
772	YANG-1305	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIANYLAWYQQKPGKVPKLLIYATSTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDVAIYYCQKYDSAPFTFGPGTKVDFK
773	YANG-1305	LCDR1	QGIANY
774	YANG-1305	LCDR2	ATS
775	YANG-1305	LCDR3	QKYDSAPFT

[3039]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
776	YANG-1401	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCTTCAGCCAGATTAACTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGAAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAGTACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAGCGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGGGGTATTATGGTGA CAACTGGTTCGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
777	YANG-1401	VH 도메인 아미노산 서열	QVHLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSFSQINWWSWVRQSPGKGLEWIGEIYHSGSTNYNPSLKSRVTMSVDKSKN QFSLALNSVTAADTAVYYCARGYYGDNWFDSWGQGTLVTVSS
778	YANG-1401	HCDR1	GGSFSQINW
779	YANG-1401	HCDR2	IYHSGST
780	YANG-1401	HCDR3	ARGYYGDNWFDS
781	YANG-1401	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCTTCTATAGGCGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAACTGGTTAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCAT CCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTAACCATCAGCAGC CTGCATCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGCCAACAGTATAGTGATTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
782	YANG-1401	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQGISNWLVWYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LHPEDFATYYCQQYSDYPLTFGGGTKVEIK
783	YANG-1401	LCDR1	QGISNW
18	YANG-1401	LCDR2	AAS
784	YANG-1401	LCDR3	QQYSDYPLT
785	YANG-1401a	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCACCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCTTCAGCCAGATTAACTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGAAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATAGTGGGAACACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGGGGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAGGGGTATTATGGTGA CAACTGGTTCGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA

[3040]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
786	YANG-1401a	VH 도메인 아미노산 서열	QVHLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSFSQINWWSWVRQSPGKGLEWIGEIYHSGNTNYNPSLKSRVTMSVDKSKN QFSLALNSVTAADTAVYYCARGYYGDNWFDSWGQGTLVTVSS
787	YANG-1401a	HCDR1	GGSFSQINW
788	YANG-1401a	HCDR2	IYHSGNT
789	YANG-1401a	HCDR3	ARGYYGDNWFDS
790	YANG-1401a	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCTTCTATAGGCGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAGCTGGTTAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCAT CCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCATCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGCCAACAGTATAGTGATTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
791	YANG-1401a	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQGISSWLVWYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LHPEDFATYYCQQYSDYPLTFGGGTKVEIK
792	YANG-1401a	LCDR1	QGISSW
18	YANG-1401a	LCDR2	AAS
793	YANG-1401a	LCDR3	QQYSDYPLT
794	YANG-1401b	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGTTGTCTCTGG TGGCTCCTTCAGCAATACTAATTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGAAAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAG TCTATCATAGTGGGAGCACCAACTACAACCCGTCCCTCATGAATCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAGGAAC CAGTTCTCCCTGAACCTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGGGGGTATTATGGTGA CAATTGGTTCGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
795	YANG-1401b	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCVVSGGSFSNTNWSWVRQPPEKGLEWIGEVYHSGSTNYNPSLMNRVTISVDKSRN QFSLNLSSVTAADTAVYFCARGYYGDNWFDSWGQGTLVTVSS

[3041]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
796	YANG-1401b	HCDR1	GGSFSNTNW
797	YANG-1401b	HCDR2	VYHSGST
798	YANG-1401b	HCDR3	ARGYYGDNWFDS
799	YANG-1401b	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCATCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAGTTGGTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATTCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGAGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGCCAACAGTCTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTCGAGATCAAA
800	YANG-1401b	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVIITCRASQGISSWLAWYQQKPEKAPKSLIYSASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQSNSYPLTFGGGTKVEIK
801	YANG-1401b	LCDR1	QGISSW
517	YANG-1401b	LCDR2	SAS
802	YANG-1401b	LCDR3	QQSNSYPLT
803	YANG-1401c	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGTTGTCTCTGG TGGCTCCTTCACCAATACTAATTGGTGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAG TCTATCATAGTGGGAGCACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAACCTGACTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGGGGTATTATGGTGA CAATTGGTTCGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
804	YANG-1401c	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCVVSGGSFTNTNWSWVRQPPGKGLEWIGEVYHSGSTNYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLNLTSVTAADTAVYYCARGYYGDNWFDSWGQGTLVTVSS
805	YANG-1401c	HCDR1	GGSFTNTNW
806	YANG-1401c	HCDR2	VYHSGST

[3042]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
807	YANG-1401c	HCDR3	ARGYYGDNWFDS
808	YANG-1401c	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAGCTGGTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATTCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGAGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGCCAACAGTCTAATAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTCGAGATCAAA
809	YANG-1401c	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPEKAPKSLIYSASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDFATYYCQQSNSYPLTFGGGTKVEIK
810	YANG-1401c	LCDR1	QGISSW
517	YANG-1401c	LCDR2	SAS
811	YANG-1401c	LCDR3	QQSNSYPLT
812	YANG-1401d	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGTTGTCTCTGG TGGCTCCTTCAGCAATACTAATTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAG TCTTTCATAGTGGGAGCACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAACCTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGGGGGTATTATGGTGA CAATTGGTTCGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
813	YANG-1401d	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCVVSGGSFSNTNWWSWVRQPPGKGLEWIGEVFHSGSTNYNPSLKSRVTISVDKSKN QFSLNLSSVTAADTAVYYCARGYYGDNWFDSWGQGTLVTVSS
814	YANG-1401d	HCDR1	GGSFSNTNW
815	YANG-1401d	HCDR2	VFHSGST
816	YANG-1401d	HCDR3	ARGYYGDNWFDS

[3043]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
817	YANG-1401d	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAGCTGGTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGGCCCTGATCTATTCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGAGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATGTTGCGACTTATTACTGCCAACAGTCTAGTAGTTACCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTCGAGATCAAA
818	YANG-1401d	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPEKAPKALIYSASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LQPEDVATYYCQQSSSYPLTFGGGTKVEIK
819	YANG-1401d	LCDR1	QGISSW
517	YANG-1401d	LCDR2	SAS
820	YANG-1401d	LCDR3	QQSSSYPLT
821	YANG-1401e	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCACCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCTTCAGCCAGATTAACTGGTGGAGTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGAAAGGGGCTGGAGTGGATTGGAGAAA TCTATCATAGTGGGAGCACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCCGTAGACAAGTCCAAGAAC CACTTCTCCCTGGGGTTGAATTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGCGGGGGTATTATGGTGA CAACTGGTTCGACTCATGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
822	YANG-1401e	VH 도메인 아미노산 서열	QVHLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSFSQINWWSWVRQSPGKGLEWIGEIYHSGSTNYNPSLKSRVTMSVDKSKN HFSLALNSVTAADTAVYYCARGYYGDNWFDSWGQGTLVTVSS
823	YANG-1401e	HCDR1	GGSFSQINW
824	YANG-1401e	HCDR2	IYHSGST
825	YANG-1401e	HCDR3	ARGYYGDNWFDS
826	YANG-1401e	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTTGCTTCTATAGGCGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGTATTAGCAACTGGTTAGTCTGGTATCAGCAGAAACCAGAGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGCTGCTT CCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCACGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCATCCTGAAGATTTTGCATCTTATTACTGCCAACAGTATAGTGATTACCCTCTCACTTTCGGCGGCGGGACCAG GGTGGAGATCAAA

[3044]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
827	YANG-1401e	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQGISNWLVWYQQKPEKAPKSLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISS LHPEDFASYYCQQYSDYPLTFGGGTRVEIK
828	YANG-1401e	LCDR1	QGISNW
18	YANG-1401e	LCDR2	AAS
829	YANG-1401e	LCDR3	QQYSDYPLT
830	YANG-1402	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GGTCACCGTCAGTAGTAACTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTAAGAGTCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGACATAGGGGACTACGG TATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
831	YANG-1402	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGVTVSSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRVEDTAVYYCARDIGDYGMDVWGQGTTVTVSS
832	YANG-1402	HCDR1	GVTVSSNY
14	YANG-1402	HCDR2	IYSGGST
833	YANG-1402	HCDR3	ARDIGDYGMDV
834	YANG-1402	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGGCTCCATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGACTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGCAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGATCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTAATAGTTACCCGCTCATTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
835	YANG-1402	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQAPSFLSASVGDRJTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPKILIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLNSYPLIFGGGTKVEIK

[3045]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
8	YANG-1402	LCDR1	QGISSY
18	YANG-1402	LCDR2	AAS
836	YANG-1402	LCDR3	QQLNSYPLI
837	YANG-1403	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGGTCTGGATTCACCTTCAGTAATTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTTTATTTCTGTGTGAGAGAAACTGTTACGGACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTA
838	YANG-1403	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYFCVRETVTDGMDVWGQGTTVTVSL
839	YANG-1403	HCDR1	GFTFSNYG
840	YANG-1403	HCDR2	IWYDGSNK
841	YANG-1403	HCDR3	VRETVTDGMDV
842	YANG-1403	VL 도메인 핵산 서열	AACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTGCCATGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAGGCAGGACATTAGCAATTATTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGTCCCTAAGCACCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTGCTAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCTACACCATAATGGTTACCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA
843	YANG-1403	VL 도메인 아미노산 서열	NIQMTQSPSAMSASVGDRVTITCRARQDISNYLAWFQQKPGKVPKHLIYAASSLLSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLHHNGYPWTFGQGTKVEIK
844	YANG-1403	LCDR1	QDISNY
18	YANG-1403	LCDR2	AAS

[3046]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
845	YANG-1403	LCDR3	LHHNGYPWT
846	YANG-2101	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTCTCTACGACATGCACTGGGTCCGTCAAGCAACAGGAAAAGGTCTGGAGTGGGTCGCAGGTGTTG GTATTGCCGGTGACACCATCTATCCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGAAATGCCAAGAACTCC TTCTTTCTTCAAATGAACAGACTGAGAGCCGGGGACACGGCTGTGTATTACTGTGTAAGAGGAGGAACTGGAACAAC TTTCTTTGATTACTGGGGCCAGGGAGTCCTGGTCACCGTCTCCTCT
847	YANG-2101	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSLYDMHWVRQATGKGLEWVAGVGIAGDTIYPDSVKGRFTISRENAKNS FFLQMNRLRAGDTAVYYCVRGGTGTTFFDYWGQGVLVTVSS
848	YANG-2101	HCDR1	GFTFSLYD
849	YANG-2101	HCDR2	VGIAGDT
850	YANG-2101	HCDR3	VRGGTGTTFFDY
851	YANG-2101	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCGTCACTTGTCGGGCGAG TCAGGACATTACCAATATTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATAGTGCAT CCAGTTTGCAAGGTGGGGACCCCTCAAAGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATCAGCAGC CTCCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGCCAGCAGTATAATAGTTTCCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
852	YANG-2101	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTVTCRASQDITNYLAWFQQKPGKAPKSLIYSASSLQGGTPSKFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQYNSFPLTFGGGTKVEIK
853	YANG-2101	LCDR1	QDITNY
517	YANG-2101	LCDR2	SAS
854	YANG-2101	LCDR3	QQYNSFPLT

[3047]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
855	YANG-2102	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGAAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAGCCACGCCATGTACTGGGTCCGTCAAATTCCAGGAAAAGGTCTGGAGTGGGTCGCAGGTATTG GTGTTGCTGGCGACACATTTTATCCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGAAAATGCCAACAACTCC TTGTCTCTTCAAATGGACAGCCTGAGAACCGGGGACACGGCTATATATTACTGTGTCAGAGATGGTTATAGTGGGAG CTACCCTTACCACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGATCACGGTCGTCGTCTCCTCA
856	YANG-2102	VH 도메인 아미노산 서열	EVKLVESGGGLVQRGGSLRLSCAASGFTFSSHAMYWVRQIPGKGLEWVAGIGVAGDTFYPDSVKGRFTIS RENANNSLSLQMDSLRTGDTAIYYCVRDGYSGSYEYHYYGMDVWGQGITVVVSS
857	YANG-2102	HCDR1	GFTFSSHA
858	YANG-2102	HCDR2	IGVAGDT
859	YANG-2102	HCDR3	VRDGYSGSYEYHYYGMDV
860	YANG-2102	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGTGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGGCATTGACACTTATTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCAT CCAGTTTACAGAGTGGGGTCCCATCAAAATTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCTGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGCCAACAGTATAAGAGTTACCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
861	YANG-2102	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLTQSPSSLSASVGDSVTITCRASQGIDTYLAWFQQKPGKAPKSLIYVASSLQSGVPSKFSGSGSGTD FTLTISSLLPEDFATYYCQQYKSYPWTFGQGTKVEIK
862	YANG-2102	LCDR1	QGIDTY
863	YANG-2102	LCDR2	VAS
864	YANG-2102	LCDR3	QQYKSYPWT
865	YANG-2103	VH 도메인 핵산 서열	GAGGCGCAGTTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGTCTGGGGGGTCCCCTGAGACTCTCCTGTATAGCCTCTGG ATTTAACCGTCAATAGCAACTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTACCACATTCTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGACTAGTCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAGAGGGATACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

[3048]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
866	YANG-2103	VH 도메인 아미노산 서열	EAQLVESGGGLIQSGGSLRLSCIASGLTVNSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGTTFYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMTSLRAEDTAVYYCAREGYGMDVWGQGTTVTVSS
867	YANG-2103	HCDR1	GLTVNSNY
868	YANG-2103	HCDR2	IYSGGTT
514	YANG-2103	HCDR3	AREGYGMDV
869	YANG-2103	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCAGTGGCCCCAGGAAAGACGGCCAGGATAAACTGTGGGGGAAATAA TTTTGGAAGTAAAAGTGTGCACTGGTACCAGCAGAAGCCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCATCTATTATGATAGCG ACCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCAGGGAACACCGCCACCCTGACCATCAGCAGGGTC GAAGCCGGGGATGAGGCCGACTATTACTGTCAGGTGTGGGATAATAGTAGTGATCATTTTGTCTTCGGAGCTGGGAC CAAGGTCACCGTCCTA
870	YANG-2103	VL 도메인 아미노산 서열	SYVLTQPPSVSVAPGKTARINCGGNNFGSKSVHWYQQKPGQAPVLVIYYDSDRPSGIPERFSGSNSGNTATLTISRV EAGDEADYYCQVWDNSSDHFVFGAGTKVTVL
871	YANG-2103	LCDR1	NFGSKS
568	YANG-2103	LCDR2	YDS
872	YANG-2103	LCDR3	QVWDNSSDHFV
873	YANG-2104	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGAAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACATTCAGTAGCCACGCCATGTACTGGGTCCGTCAAAGTCCAGGAAAAGGTCTGGAGTGGGTCTCAGGTATTG GTGTTGCTGGTGACACATTTTATGTAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGAAAATGCCAGGAACTCC TTGTCTCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGGGGACACGGCTGTTTATTACTGTGCCAGAGATGGTTATAGTGGGAC CCACCCTTACCACTTCTAGGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGATCACGGTCGTCGTCTCCTCA
874	YANG-2104	VH 도메인 아미노산 서열	EVKLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSHAMYWVRQSPGKGLEWVSGIGVAGDTFYVDSVKGRFTISRENARNS LSLQMNSLRAGDTAVYYCARDGYSGTHPYHFYGMDVWGQGTTVVVSS

[3049]

[3050]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
875	YANG-2104	HCDR1	GFTFSSHA
876	YANG-2104	HCDR2	IGVAGDT
877	YANG-2104	HCDR3	ARDGYSGTHPYHFYGMDV
878	YANG-2104	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCACTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGTGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG TCAGGACATTAACACTTATTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGTCCCTGATCTATGTTGCAT CCAGTTTACAGAGTGGGGTCCCATCAAAGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTATTGCCAACAGTATAAAAGTTACCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
879	YANG-2104	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDSVTITCRASQDINTYLAWFQQKPGKAPKSLIYVASSLQSGVPSKFSGSGSGTDFTLTISS LLPEDFATYYCQQYKSYPWTFGQGTKVEIK
880	YANG-2104	LCDR1	QDINTY
863	YANG-2104	LCDR2	VAS
881	YANG-2104	LCDR3	QQYKSYPWT
882	YANG-2105	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GCTCACCGTCAGTAGCAATTACATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGTAGTACATTCTACACAGATTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACG CTGAATCTTCAAATGAACAGTCTGCGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGATCTGGGGATACGCGG GGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
883	YANG-2105	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGLTVSSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSGGSTFYTDSVKGRFTISRDNSKNT LNLQMNSLRAEDTAVYYCARDLGIRGGMDVWGQGTTVTVSS
172	YANG-2105	HCDR1	GLTVSSNY
14	YANG-2105	HCDR2	IYSGGST

[3051]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
884	YANG-2105	HCDR3	ARDLGIRGGMDV
885	YANG-2105	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGTTGATCCAGTCTCCAATCCTTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCTGGGCCAG TCAGGGCATTAGTAGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAACCTCCTGATCTATGCTGCAT CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAGGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGCTTGATGGTTCCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT GGAGATCAAA
886	YANG-2105	VL 도메인 아미노산 서열	DIQLIQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGISSYLAWYQQKPGKAPNLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCQQLDGSLTFGGGTKVEIK
8	YANG-2105	LCDR1	QGISSY
18	YANG-2105	LCDR2	AAS
887	YANG-2105	LCDR3	QQLDGSLT
888	YANG-2106	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGGTAGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTTTCAGCGTCTGG ATTCACCTTCAGCACCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATAT GGTATGATGGAAGTAATAAGTACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCATCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAGCAGTCTGAGACCCGATGACACGGCTGTGTATTATTGTGTGAGAGAGGGAGTGGCTGA CGGTATGGGCGTCTGGGGCCAAGGGACCACAGTCACCGTCTCTTCA
889	YANG-2106	VH 도메인 아미노산 서열	QVQVVESGGGVVQPGRSLRLSCSASGFTFSTYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMSSLRPDDTAVYYCVREGVADGMGVWGQGTTVTVSS
890	YANG-2106	HCDR1	GFTFSTYG
891	YANG-2106	HCDR2	IWYDGSNK
892	YANG-2106	HCDR3	VREGVADGMGV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
893	YANG-2106	VL 도메인 핵산 서열	AACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTGCCATGTCTGCATCTGTGGGAGACAGAGTCACCATCACTTGTCGGGCGAG GCAGGACATTAGCACTTACTTAGCCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGTCCCTAAGCACCTGATCTATGCTGCGT CTACTTTGCTAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCGGCGGCAGTGGTTCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCACCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCTACACCATAATATTATCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGACCAA GGTGGAAATCAAA
894	YANG-2106	VL 도메인 아미노산 서열	NIQMTQSPSAMSASVGDRVTITCRARQDISTYLAWFQQKPGKVPKHLIYAASTLLSGVPSRFGGSGSGTEFTLTITS LQPEDFATYYCLHHNNYPWTFGQGTKVEIK
895	YANG-2106	LCDR1	QDISTY
18	YANG-2106	LCDR2	AAS
896	YANG-2106	LCDR3	LHHNNYPWT
897	YANG-2107	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATTAGAAGTAGTAACTGGTGGAATTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAATACCAACTATAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCTTGTCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTTGATATTTGGGGCCAGGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
898	YANG-2107	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRVTLSVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS
899	YANG-2107	HCDR1	GGSIRSSNW
900	YANG-2107	HCDR2	IYHGGNT
901	YANG-2107	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
902	YANG-2107	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCTCCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATATTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGTCATATGCAGCTAATAGTAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA

[3052]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
903	YANG-2107	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSISISCTGTSSDIGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAANSNVVFGGGTKLSVL
904	YANG-2107	LCDR1	SSDIGGYNY
203	YANG-2107	LCDR2	DVS
905	YANG-2107	LCDR3	CSYAANSNVV
906	YANG-2108	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGAAACACCAACTACAGCCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCTCCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CACTTCTCCCTGAACCTGACCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATGT CGGGGGAGTTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
907	YANG-2108	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQPPGKGLEWIGEIYHGGNTNYSPSLKSRVSISVDKSKN HFSLNLTSVTAADTAVYYCARALYDVGGVFDIWGQGTMVTVSS
908	YANG-2108	HCDR1	GGSIRSSNW
909	YANG-2108	HCDR2	IYHGGNT
910	YANG-2108	HCDR3	ARALYDVGGVFDI
911	YANG-2108	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAAGCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAATTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTCATATGCAGCTAATAGCAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
912	YANG-2108	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGSSSDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAANSNVVFGGGTKLSVL

[3053]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
913	YANG-2108	LCDR1	SSDVGGYNY
203	YANG-2108	LCDR2	DVS
914	YANG-2108	LCDR3	CSYAANSNVV
915	YANG-2108a	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG AGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGTCCCCCGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAACACCAACTACAATCCGTCCCTCAAGAGTCGACTCACCATATCAATAGACAAGTCCAAGAAC CACTTCTCCATGAAGCTGCACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAAGTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACTTTGGTCACCGTCTCTTCA
916	YANG-2108a	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRLTISIDKSKN HFSMKLHSVTAADTAVYYCARTLYDIGGVFDIWGQGTLVTVSS
917	YANG-2108a	HCDR1	GGSIRSSNW
918	YANG-2108a	HCDR2	IYHGGNT
919	YANG-2108a	HCDR3	ARTLYDIGGVFDI
920	YANG-2108a	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTTAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGCTAATAGCAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
921	YANG-2108a	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSWYQHHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAANSNVVFGGGTKLSVL
922	YANG-2108a	LCDR1	SSDVGGYNY
203	YANG-2108a	LCDR2	DVS

[3054]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
923	YANG-2108a	LCDR3	CSYAANSNVV
924	YANG-2108b	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGTTCCATTAGAAGTAGTAACTGGTGGAATTTGGGCGTCCGCCAGTCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAATACCAACTATAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGACCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTGATATTTGGGGCCAGGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
925	YANG-2108b	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRVTMSVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCARPLYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS
926	YANG-2108b	HCDR1	GGSIRSSNW
927	YANG-2108b	HCDR2	IYHGGNT
928	YANG-2108b	HCDR3	ARPLYDIGGVFDI
929	YANG-2108b	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCTCCATCTCCTGCACTGGAACCAA CAGTGATATTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCATATGCAAGTAATAGTAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
930	YANG-2108b	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSISISCTGTNSDIGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYASNSNVVFGGGTKLSVL
931	YANG-2108b	LCDR1	NSDIGGYNY
203	YANG-2108b	LCDR2	DVS
932	YANG-2108b	LCDR3	CSYASNSNVV

[3055]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
933	YANG-2108c	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAATACCAACTACAAGCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTTGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTCCAGTTGACTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATACTACTGTGCGAGAGCTCTTTATGATAT CGGGGGAGTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACGATGGTCACCGTCTCTTCA
934	YANG-2108c	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQPPGKGLEWIGEIYHGGNTNYKPSLKSRVTISVDKSKN QFSLQLTSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS
935	YANG-2108c	HCDR1	GGSIRSSNW
936	YANG-2108c	HCDR2	IYHGGNT
937	YANG-2108c	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
938	YANG-2108c	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGTATCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTCTCATATGCAACTAATAGCAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
939	YANG-2108c	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSWYQQYPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYATNSNVVFGGGTKLSVL
940	YANG-2108c	LCDR1	SSDVGGYNY
203	YANG-2108c	LCDR2	DVS
941	YANG-2108c	LCDR3	CSYATNSNVV
942	YANG-2108d	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATTAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAATACCAAGTATAATCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATGTCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTGATATTTGGGGCCAGGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA

[3056]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
943	YANG-2108d	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTKYNPSLKSRVTMSVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS
944	YANG-2108d	HCDR1	GGSIRSSNW
945	YANG-2108d	HCDR2	IYHGGNT
946	YANG-2108d	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
947	YANG-2108d	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCTCCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTAATATTGGTGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGGAAGTAATAGTAATCTGGTTTTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
948	YANG-2108d	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSISISCTGTSSNIGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYGSNSNVVFGGGTKLSVL
949	YANG-2108d	LCDR1	SSNIGGYNY
203	YANG-2108d	LCDR2	DVS
950	YANG-2108d	LCDR3	CSYGSNSNVV
951	YANG-2108e	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGTCCCCCGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAACACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCATGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
952	YANG-2108e	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRLTISVDKSKN QFSMKLSSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS

[3057]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
953	YANG-2108e	HCDR1	GGSIRSSNW
954	YANG-2108e	HCDR2	IYHGGNT
955	YANG-2108e	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
956	YANG-2108e	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACACAGGCAAAGCCCCCAAATTCATGATTTATG ATGTTAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGGTGATAGCAATGTGGTTTTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
957	YANG-2108e	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSWYQQHTGKAPKFMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAADSNVVFGGGTKLSVL
958	YANG-2108e	LCDR1	SSDVGGYNY
203	YANG-2108e	LCDR2	DVS
959	YANG-2108e	LCDR3	CSYAADSNVV
960	YANG-2108f	VH 도메인 핵산 서열	CAAATGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTCTCAGGGTGGAACACCAACTACAACCCGTCCCTCAAAAGTCGAGTCACCATAACTGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAAACTGCCCTCTATGACCGCCGCGGACACGGCCATATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTCTTTGATATTTGGGGCCCAGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
961	YANG-2108f	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQPPGKGLEWIGEISHGGNTNYNPSLKSRVTITVDKSKN QFSLKLPSMTAADTAIYYCARALYDIGGVFDIWGPGTMVTVSS
962	YANG-2108f	HCDR1	GGSIRSSNW
963	YANG-2108f	HCDR2	ISHGGNT

[3058]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
964	YANG-2108f	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
965	YANG-2108f	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATGTCCTGCACTGGAACCAA CAGTGATGTTGGTTACAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGCCCTCAGGACTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAATACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATTTGCAGCTAATAGCAATGTGGTTTTCGGCGG GGGGACCAAGTTGTCCGTCCTA
966	YANG-2108f	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITMSCTGTNSDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGLSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSFAANSNVVFGGGTKLSVL
967	YANG-2108f	LCDR1	NSDVGGYNY
203	YANG-2108f	LCDR2	DVS
968	YANG-2108f	LCDR3	CSFAANSNVV
2369	YANG-2108g	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCGGGGCCCAGGACTGCTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAACACCAATTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTCGACAAGTCCAAGCAC CAGTTCTCCCTGAAGCTGACCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTTGATCTTTGGGGCCAAGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
2370	YANG-2108g	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQQSGPGLLKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRVTISVDKSKH QFSLKLTSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDLWGQGTMVTVSS
969	YANG-2108g	HCDR1	GGSIRSSNW
970	YANG-2108g	HCDR2	IYHGGNT
971	YANG-2108g	HCDR3	ARALYDIGGVFDL

[3059]

[3060]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
972	YANG-2108g	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGCTAATAGCAGTGTTGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
973	YANG-2108g	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAANSSVVFGGGTKLSVL
974	YANG-2108g	LCDR1	SSDVGGYNY
203	YANG-2108g	LCDR2	DVS
975	YANG-2108g	LCDR3	CSYAANSSVV
976	YANG-2108h	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTACAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGTGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAACACCAACTACAACCCGTCCCTCCAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAATCTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACTTTGGTCACCGTCTCTTCA
977	YANG-2108h	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQPPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLQSRVTISVDKSKN QFSLNLSSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTLVTVSS
978	YANG-2108h	HCDR1	GGSIRSSNW
979	YANG-2108h	HCDR2	IYHGGNT
980	YANG-2108h	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
981	YANG-2108h	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGACCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGCTAATAGCAATGTGCTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA

[3061]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
982	YANG-2108h	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSTTISCTGTSSDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAANSNVLFGGGTKLSVL
983	YANG-2108h	LCDR1	SSDVGGYNY
203	YANG-2108h	LCDR2	DVS
984	YANG-2108h	LCDR3	CSYAANSNVL
985	YANG-2108i	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGGTGGGAACACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCACATTAGTAGACAAGTCCAAAAAC CAATTCTCCCTGAAATTGAGTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTTGATATTTGGAGCCAAGGGACGATGGTCACCGTCTCTTCA
986	YANG-2108i	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGLVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRVTTLVDKSKN QFSLKLSSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWSQGTMVTVSS
987	YANG-2108i	HCDR1	GGSIRSSNW
988	YANG-2108i	HCDR2	IYHGGNT
989	YANG-2108i	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
990	YANG-2108i	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAT CAGTGATGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCTTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGATTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGACTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGCTAATAGCAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
991	YANG-2108i	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSIITISCTGTISDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGISNRFSGSKSGNTASLTI SGLQTEDEGDYYCCSYAANSNVVFGGGTKLSVL

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
992	YANG-2108i	LCDR1	ISDVGGYNY
203	YANG-2108i	LCDR2	DVS
993	YANG-2108i	LCDR3	CSYAANSNVV
994	YANG-2108j	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGTCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGAAACACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCATTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGAACCTGACCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGAGAGCTCTTTACGATAT CGGGGGAGTTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACTATGGTCATCGTCTCTTCA	
995	YANG-2108j	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGNTNYNPSLKSRVTISLDKSKN QFSLNLTSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTMVIVSS
996	YANG-2108j	HCDR1	GGSIRSSNW
997	YANG-2108j	HCDR2	IYHGGNT
998	YANG-2108j	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
999	YANG-2108j	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAAGCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAGTCGATTTTCTGGCTCCAAGTCTGGCAGCACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAATTAATAGCGATGTGGTTTTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
1000	YANG-2108j	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGSSSDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYDVSERPSGVSSRFSGSKSGSTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAINSDVVFGGGTKLSVL
1001	YANG-2108j	LCDR1	SSDVGGYNY
1002	YANG-2108j	LCDR2	DVS

[3062]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1003	YANG-2108j	LCDR3	CSYAINSDVV
1004	YANG-2108k	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGCGTCCGCCAGTCCCCCGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGGAAGACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGACTCACCATATCAGTAGACAAGTCCAAGAAC CAGTTCTCCATGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATATCACTGTGCGAGAACTCTTTATGATAT CGGGGGAGTTTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACTATGGTCACCGTCTCTTCA
1005	YANG-2108k	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQSPGKGLEWIGEIYHGGKTNYNPSLKSRLTISVDKSKN QFSMKLSSVTAADTAVYHCARTLYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS
1006	YANG-2108k	HCDR1	GGSIRSSNW
1007	YANG-2108k	HCDR2	IYHGGKT
1008	YANG-2108k	HCDR3	ARTLYDIGGVFDI
1009	YANG-2108k	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACACCACAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATGTTAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGCTGATAGCAATGTGGTTTTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
1010	YANG-2108k	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSWYQHHTGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAADSNVVFGGGTKLSVL
1011	YANG-2108k	LCDR1	SSDVGGYNY
1012	YANG-2108k	LCDR2	DVS
1013	YANG-2108k	LCDR3	CSYAADSNVV

[3063]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1014	YANG-21081	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACAGGTGAAGCCTTCGGGGACCCTGTCCCTCACCTGCGCTGTCTCTGG TGGCTCCATCAGAAGTAGTAACTGGTGGATTTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGATTGGGGAAA TCTATCATGGTGGAAATACCAACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTTGACATGTCCAAGAAC CAGTTCTCCCTGCAGTTGACTTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTATACTACTGTGCGAGAGCTCTTTATGATAT CGGGGGAGTCTTTGATATTTGGGGCCAAGGGACGATGGTCACCGTCTCTTCA
1015	YANG-21081	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLQESGPGQVKPSGTLSLTCAVSGGSIRSSNWWIWVRQPPGKGLEWIGEIYHGGNTNYKPSLKSRVTISVDMSKN QFSLQLTSVTAADTAVYYCARALYDIGGVFDIWGQGTMVTVSS
1016	YANG-21081	HCDR1	GGSIRSSNW
1017	YANG-21081	HCDR2	IYHGGNT
1018	YANG-21081	HCDR3	ARALYDIGGVFDI
1019	YANG-21081	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCGGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGATGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACACGATACCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG ATTGTCAGTGAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACAATC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGGTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAGCTAATAGCAATGTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAACTGTCCGTCCTA
1020	YANG-21081	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNYVSWYQQYPGKAPKLMIYDVSERPSGVSNRFSGSKSGNTASLTI SGLQAEDEGDYYCCSYAANSNVVFGGGTKLSVL
1021	YANG-21081	LCDR1	SSDVGGYNY
1022	YANG-21081	LCDR2	DVS
1023	YANG-21081	LCDR3	CSYAANSNVV
1024	YANG-2109	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTCCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGTCCTCGGTGAAGGTCTCCTGTAAGGCTTCTGG AGGCACCTTCAGCGGTTATATCTATCAGCTGGATTCGACACGGCCCCTGGACAAGGGACTTGAGTGGATGGGAGGGATCA TCCCTAGCTTTGGCTCATTTAAACTATGGACAGAAGTTCCAGGACAGAGTCTCGATTACCACGGACGAATTTAAAGAGC ACTGTGTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAATTCTGAGGACACGGCCATATATTATTGTACGAGAGAATCAATAACTTC GGGCTACTATTACGGTATGGCCGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

[3064]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1025	YANG-2109	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSGYTISWIRQAPGQGLEWMGGIIPSFGSLNYGQKFQDRVSITTDELKS TVYMELSSLNSEDTAIYYCTRESITSGYYYGMAVWGQGTTVTVSS
1026	YANG-2109	HCDR1	GGTFSGYT
1027	YANG-2109	HCDR2	IIPSFGSL
1028	YANG-2109	HCDR3	TRESITSGYYYGMAV
1029	YANG-2109	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAG TCAGGGCATTAGAGATGATTTAGGCTGGTTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTCTGCTGCAT CCAGTTTGCAAAGTGGAGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAGA
1030	YANG-2109	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRDDLGWFQQKPGKAPKRLISAASSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISS LQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIR
1031	YANG-2109	LCDR1	QGIRDD
1032	YANG-2109	LCDR2	AAS
1033	YANG-2109	LCDR3	LQHNSYPLT
1034	YANG-2110	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG GTTCATCGTCAGTGGCAATTATATGAGTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGACTGGGTCTCAGTTATTT ATAGCGGTGGCACGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTCTATTACTGTGCGAGGTCTATAGCAGTGGCTGG TGAGGGGCTTGACTCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1035	YANG-2110	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFIVSRNYMSWVRQAPGKGLDWVSVIYSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNT LYLQMNSLRAEDTAVYYCARSIAVAGEGLDSWGQGTLVTVSS

[3065]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1036	YANG-2110	HCDR1	GFTVSRNY
1037	YANG-2110	HCDR2	IYSGGST
1038	YANG-2110	HCDR3	ARSIAVAGEGLDS
1039	YANG-2110	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTAATGACACAGTCTCCAGCCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGACAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGCAACATCTTCATATCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGGCAGGCTCCCAGGCTCCTCATTTATGGTG CATCCATCAGGGCCACTGACATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAATTTATTCTGTCAGCAGGATTATAACTTACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC CAAGGTGGAGATCAAA
1040	YANG-2110	VL 도메인 아미노산 서열	EIVMTQSPATLSLSPGDRATLSCRASQSVSNIFISWYQQKPGQAPRLLIYGASIRATDIPARFSGSGSGTDFTLTIS SLQPEDFAIYFCQQDYNLPLTFGGGTKVEIK
1041	YANG-2110	LCDR1	QSVSNIF
1042	YANG-2110	LCDR2	GAS
1043	YANG-2110	LCDR3	QQDYNLPLT
1044	YANG-2111	VH 도메인 핵산 서열	GGAGTCCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTGATGATTATGCCTTTACACTGGGTCCGGCAAGTTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAAGCATTTA GTTGGAATAGTGATGACCTAGGCTATGCGGACTCTGTGGAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAGCAGTCTGAGAACTGAGGACACGGCCTTGTATTACTGTGTAAAGGATACTAGGGCGCA TTACGATATTTTGGCTGGTTATAGAGGCTTGACTCTTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCTTCA
1045	YANG-2111	VH 도메인 아미노산 서열	GVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFTFDDYALHWVRQVPGKGLEWVSSISWNSDDLGYADSVEGRFTISRDNAKN SLYLQMSSLRTEDTALYYCVKDTRAHYDIIAGYRGLDSWGQGTLVTVSS
1046	YANG-2111	HCDR1	GFTFDDYA
1047	YANG-2111	HCDR2	ISWNSDDL

[3066]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1048	YANG-2111	HCDR3	VKDTRAHYDILAGYRGLDS
1049	YANG-2111	VL 도메인 핵산 서열	GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAC TCAGAGCCTCCTACATAGTAATGGATACAACTTTTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAACTCC TGATCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTTTCA CTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATATTTGGAATTTATTACTGCATACAAGGTCTGCAAACTCCTATCACCTT CGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
1050	YANG-2111	VL 도메인 아미노산 서열	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSTQSLLHSNGYNFLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFS LKISRVEAEDIGIYYCIQGLQTPITFGQGTRLEIK
1051	YANG-2111	LCDR1	QSLLHSNGYNF
1052	YANG-2111	LCDR2	LGS
1053	YANG-2111	LCDR3	IQGLQTPIT
1054	YANG-2111a	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGGAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCTGCCTCTGG CTTCATCTTTGATGATTATGCCTTACACTGGGTCCGGCAAATTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAAGTATTA GTTGGAATAGTGATGACGTAGGCTATGCGGACTCTGTGGAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAGCAGTCTGAGAGCTGAGGACACGGCCTTATATTACTGTGTAAAGGATGTTAGGGCTCA TTACGATATTTGGCTGCTTATAGAGGACTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1055	YANG-2111a	VH 도메인 아미노산 서열	EVELVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFIFDDYALHWVRQIPGKGLEWVSSISWNSDDVGYADSVEGRFTISRDNAKN SLYLQMSSLRAEDTALYYCVKDVRAHYDILAAYRGLDYWGQGTLVTVSS
1056	YANG-2111a	HCDR1	GFIFDDYA
1057	YANG-2111a	HCDR2	ISWNSDDV
1058	YANG-2111a	HCDR3	VKDVRAHYDILAAYRGLDY

[3067]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1059	YANG-2111a	VL 도메인 핵산 서열	GATGTTGTGATGACTCAGTCTCCGCTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGCCGGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAGAGCCTCCTGCATAGCAATGGATACAACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAACTCC TGATCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTTACA CTGAAGATCAGTAGAATGGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTCTACAAACTCCTATCACCTT CGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAG
1060	YANG-2111a	VL 도메인 아미노산 서열	DVVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRMEAEDVGVYYCMQGLQTPITFGQGTRLEIK
1061	YANG-2111a	LCDR1	QSLLHSNGYNY
1062	YANG-2111a	LCDR2	LGS
1063	YANG-2111a	LCDR3	MQGLQTPIT
1064	YANG-2111b	VH 도메인 핵산 서열	GAAGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGCAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG CTTCATCTTTGATGATTATGCCTTACACTGGGTCCGGCAAGTTCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGGTCTCAAGTATTA GTTGGAATAGTGATGACATAGGCTATGCGGACTCTGTGGAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCCAAGAAC TCCCTGTATCTGCAAATGAGTAGTCTGAGACTGAGGACACGGCCTTATATTACTGTGTAAAGGATGTTAGGGCGCA TTACGATATTTTGGCTGCTTATAGAGGACTTGACTATTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1065	YANG-2111b	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLRLSCAASGFIFDDYALHWVRQVPGKGLEWVSSISWNSDDIGYADSVEGRFTISRDNAKN SLYLQMSSLRAEDTALYYCVKDVRAHYDILAAYRGLDYWGQGTLVTVSS
1066	YANG-2111b	HCDR1	GFIFDDYA
1067	YANG-2111b	HCDR2	ISWNSDDI
1068	YANG-2111b	HCDR3	VKDVRAHYDILAAYRGLDY

[3068]

SEQ ID NO	서열	설명	클론 ID
1069	GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAGAGCCTCCTGCATAGCAATGGATACAACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAACTCC TGATCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGTCAGTGGATCAGGCACAGATTTTACA CTGAAAATCAGCAGAGTGGCGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGGTCTACAAACTCCTATCACCTT CGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTACA	VL 도메인 핵산 서열	YANG-2111b
1070	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLGSNRASGVPDRFSVSGSGTDFT LKISRVAAEDVGVYYCMQGLQTPITFGQGTRLEIT	VL 도메인 아미노산 서열	YANG-2111b
1071	QSLLHSNGYNY	LCDR1	YANG-2111b
1072	LGS	LCDR2	YANG-2111b
1073	MQGLQTPIT	LCDR3	YANG-2111b
1074	CAGGTCCAACTGGTACAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGTTTCCGG GTTCACCCTCACTTATCCATTCACTGGGTGCGACAGGCTCCTGGAAGAGGACTTGAGTGGATGGGAGGTTTTG ATCCTGTGGATGGTCAAACAGTCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGAGGACACATCTACAGAC ACAGCCAACATGGACCTGAACACACCTGAAATCTGAGGACACGGCCGTTTATTACTGTGCGACGGGTGTAGTAGTACC AGCTGCCCCTTACTACTACTCCTCCGGAATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA	VH 도메인 핵산 서열	YANG-2112
1075	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGFTLTHLSIHWVRQAPGRGLEWMGGFDPVDGQTVYAQNFQGRVTMTEDTSTD TANMDLNNLKSEDTAVYYCATGVVVPAAPYYYSSGMDVWGQGTTVTVSS	VH 도메인 아미노산 서열	YANG-2112
1076	GFTLTHLS	HCDR1	YANG-2112
1077	FDPVDGQT	HCDR2	YANG-2112
1078	ATGVVVPAAPYYYSSGMDV	HCDR3	YANG-2112
1079	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAACGTCTGGGACCCCCGGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATCGCAAAAAATTATGTATACTGGTACCAACAACTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGGA CTAATCAGCGGCCCTCTGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGT GGGCTCCGGTCCGAGGATGAGGCTACTTATTACTGTGCAACATGGGATGACACCCTGAGTGTGATATTCGGCGGAGG GACCAACCTGACCGTCCTG	VL 도메인 핵산 서열	YANG-2112

[3069]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1080	YANG-2112	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSTSGTPGQRVTISCSGSSSNIAKNYVYWYQQLPGTAPKLLIYRTNQRPSGVPDRFSGSRSGTSASLAIS GLRSEDEATYYCATWDDTLSVIFGGGTNLTVL
1081	YANG-2112	LCDR1	SSNIAKNY
1082	YANG-2112	LCDR2	RTN
1083	YANG-2112	LCDR3	ATWDDTLSVI
1084	YANG-2201	VH 도메인 핵산 서열	CAGGAGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGTCTCCCGGCAAGGGGCTGGAATGGGTGACTTTTATAT CATATGATGGAAATAATGAATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTTTCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACGCGGCTGTGTATTACTGTGCGAAAGATCGTGCATTGAA CCTTTACTACTTTGATTCCTGGGGCCCGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1085	YANG-2201	VH 도메인 아미노산 서열	QEQLVESGGGVVQPGMSLRLSCAASGFTFSNYGMHWVRQSPGKGLEWVTFISYDGNNEYYVDSVKGRFTISRDNSKN TLFLQMNSLRAEDAAVYYCAKDRALNLYYFDSWGPGTLVTVSS
1086	YANG-2201	HCDR1	GFTFSNYG
1087	YANG-2201	HCDR2	ISYDGNNE
1088	YANG-2201	HCDR3	AKDRALNLYYFDS
1089	YANG-2201	VL 도메인 핵산 서열	GATATTGTGATGACTCAGGCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACTCCTGGAGAGCCGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAG TCAGAGCCTCCTGCATAATAATGCCTACAACCATTTGAATTGGTATCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGTTCC TGATCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTTACA CTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCAATCTCTACAAATTCCGATCACCTT CGGCCAAGGGACACGACTGGAAATTAAA
1090	YANG-2201	VL 도메인 아미노산 서열	DIVMTQPPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHNNAYNHLNWYLQKPGQSPQFLIYLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFT LKISRVEAEDVGVYYCMQSLQIPITFGQGTRLEIK

[3070]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1091	YANG-2201	LCDR1	QSLLHNNAYNH
1092	YANG-2201	LCDR2	LGS
1093	YANG-2201	LCDR3	MQSLQIPIT
1094	YANG-2202	VH 도메인 핵산 서열	GAGGTGCAATTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTTCAGCCGGGGGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGG ATTCACCTTTAGCAGTTTTGCCATGAGTTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTTGAGTGGGTCGCAGCCTTCA GTGGTCGTGGTGCGATTACACACTACACAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTATATTACTGTGCGACTTATAATTGGAACCC CTACTACTTTGACTTCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1095	YANG-2202	VH 도메인 아미노산 서열	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSFAMSWVRQAPGKGLEWVAAFSGRGAITHYTDSVKGRFTISRDNSKN TLYLQMNSLRAEDTAVYYCATYNWNPYYFDFWGQGTLVTVSS
1096	YANG-2202	HCDR1	GFTFSSFA
1097	YANG-2202	HCDR2	FSGRGAIT
1098	YANG-2202	HCDR3	ATYNWNPYYFDF
1099	YANG-2202	VL 도메인 핵산 서열	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGTCGGGCGAG TCAGGATATTAATATCTGGTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAATCTCCTGATCTTTGATACAT CCAATTTACAGAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGTCAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTACTATTGTCAACAGGGTAACAGTTTCCCTCGGACCTTCGGCCAAGGGGACAG ACTGGAAATTAAA
1100	YANG-2202	VL 도메인 아미노산 서열	DIQMTQSPSSVSASIGDRVTITCRASQDINIWLAWYQQKPGKAPNLLIFDTSNLQSGVPSRFSGSGSGSDFTLTIS LQPEDFATYYCQQGNSFPRTFGQGTRLEIK
1101	YANG-2202	LCDR1	QDINIW
1102	YANG-2202	LCDR2	DTS

[3071]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1103	YANG-2202	LCDR3	QQGNSFPRT
1104	YANG-2203	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1105	YANG-2203	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1106	YANG-2203	HCDR1	GYALTSFY
1107	YANG-2203	HCDR2	IKPSGGDT
1108	YANG-2203	HCDR3	AISGNTRAFEI
1109	YANG-2203	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1110	YANG-2203	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1111	YANG-2203	LCDR1	SSNIGNNF
1112	YANG-2203	LCDR2	ANN
1113	YANG-2203	LCDR3	GTWDSSRSAVL

[3072]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1114	YANG-2203a	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAATGGGGACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1115	YANG-2203a	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAINGDTRAFEIWGQGTMVTVSL
1116	YANG-2203a	HCDR1	GYALTSFY
1117	YANG-2203a	HCDR2	IKPSGGDT
1118	YANG-2203a	HCDR3	AINGDTRAFEI
1119	YANG-2203a	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1120	YANG-2203a	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1121	YANG-2203a	LCDR1	SSNIGNNF
1122	YANG-2203a	LCDR2	ANN
1123	YANG-2203a	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1124	YANG-2203b	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCTCACCAACTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAAAACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAATGGGGACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA

[3073]

[3074]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1125	YANG-2203b	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTNFYVHWVRQAPGQKLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1126	YANG-2203b	HCDR1	GYALTNFY
1127	YANG-2203b	HCDR2	IKPSGGDT
1128	YANG-2203b	HCDR3	AISGNTRAFEI
1129	YANG-2203b	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTATATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTTCTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1130	YANG-2203b	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFISWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYFCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1131	YANG-2203b	LCDR1	SSNIGNNF
1132	YANG-2203b	LCDR2	ANN
1133	YANG-2203b	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1134	YANG-2203c	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGTGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGTGGGCATCTGG TTACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1135	YANG-2203c	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPVASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL

[3075]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1136	YANG-2203c	HCDR1	GYALTSFY
1137	YANG-2203c	HCDR2	IKPSGGDT
1138	YANG-2203c	HCDR3	AISGNTRAFEI
1139	YANG-2203c	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1140	YANG-2203c	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1141	YANG-2203c	LCDR1	SSNIGNNF
1142	YANG-2203c	LCDR2	ANN
1143	YANG-2203c	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1144	YANG-2203d	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGTAGGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAITCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1145	YANG-2203d	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1146	YANG-2203d	HCDR1	GYALTSFY
1147	YANG-2203d	HCDR2	IKPSGGDT

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1148	YANG-2203d	HCDR3	AISGNTRAFEI
1149	YANG-2203d	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGTTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTCTCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGTTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1150	YANG-2203d	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSVVLFGGGTKMTVL
1151	YANG-2203d	LCDR1	SSNIGNNF
1152	YANG-2203d	LCDR2	ANN
1153	YANG-2203d	LCDR3	GTWDSSRSVVL
1154	YANG-2203e	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAAGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCTCAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAACAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1155	YANG-2203e	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCKASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TFYVELNSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSS
1156	YANG-2203e	HCDR1	GYALTSFY
1157	YANG-2203e	HCDR2	IKPSGGNT
1158	YANG-2203e	HCDR3	AISGNTRAFEI

[3076]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1159	YANG-2203e	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAATAGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGACATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGCAGCCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1160	YANG-2203e	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGIVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLDIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1161	YANG-2203e	LCDR1	SSNIGNNY
1162	YANG-2203e	LCDR2	ANN
1163	YANG-2203e	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1164	YANG-2203f	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCGGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCTCAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTTCTACGTGGAACTAAACAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1165	YANG-2203f	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCKASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TFYVELNSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1166	YANG-2203f	HCDR1	GYALTSFY
1167	YANG-2203f	HCDR2	IKPSGGNT
1168	YANG-2203f	HCDR3	AISGNTRAFEI
1169	YANG-2203f	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAATAGTCCCCCAAGCTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGCAGCCGGAGTGCTGTACTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA

[3077]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1170	YANG-2203f	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGIVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1171	YANG-2203f	LCDR1	SSNIGNNY
1172	YANG-2203f	LCDR2	ANN
1173	YANG-2203f	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1174	YANG-2203g	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATTACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTTTATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1175	YANG-2203g	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1176	YANG-2203g	HCDR1	GYALTSFY
1177	YANG-2203g	HCDR2	IKPSGGDT
1178	YANG-2203g	HCDR3	AISGNTRAFEI
1179	YANG-2203g	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1180	YANG-2203g	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL

[3078]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1181	YANG-2203g	LCDR1	SSNIGNNF
1182	YANG-2203g	LCDR2	ANN
1183	YANG-2203g	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1184	YANG-2203h	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGACTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTTATACAATTTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1185	YANG-2203h	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLDWMGIIKPSGGYTTYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1186	YANG-2203h	HCDR1	GYALTSFY
1187	YANG-2203h	HCDR2	IKPSGGYT
1188	YANG-2203h	HCDR3	AISGNTRAFEI
1189	YANG-2203h	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1190	YANG-2203h	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1191	YANG-2203h	LCDR1	SSNIGNNF
1192	YANG-2203h	LCDR2	ANN

[3079]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1193	YANG-2203h	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1194	YANG-2203i	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAACTTCTATATTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGGAC ACATTCTACGTGGAACTGAACAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1195	YANG-2203i	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTNFYIHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTD TFYVELNSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1196	YANG-2203i	HCDR1	GYALTNFY
1197	YANG-2203i	HCDR2	IKPSGGDT
1198	YANG-2203i	HCDR3	AISGNTRAFEI
1199	YANG-2203i	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1200	YANG-2203i	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1201	YANG-2203i	LCDR1	SSNIGNNF
1202	YANG-2203i	LCDR2	ANN
1203	YANG-2203i	LCDR3	GTWDSSRSAVL

[3080]

[3081]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1204	YANG-2203j	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGCTTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTACGCTCAGAATTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
1205	YANG-2203j	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTSFYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNLQGRVTMTRDTSTN TFYVELSSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1206	YANG-2203j	HCDR1	GYALTSFY
1207	YANG-2203j	HCDR2	IKPSGGDT
1208	YANG-2203j	HCDR3	AISGNTRAFEI
1209	YANG-2203j	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCTGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1210	YANG-2203j	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1211	YANG-2203j	LCDR1	SSNIGNNF
1212	YANG-2203j	LCDR2	ANN
1213	YANG-2203j	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1214	YANG-2203k	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGCAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAGGGCATCTGG ATACGCCCTCACCAGACTCTATGTTCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCCAGTGGTGGTGACACAATCTGCGCTCAGAATTCCAGGGCAGAGTCACCCTGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACATTCTACGTGGAACTGAACAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCCTATATTACTGTGCGATCAGTGGGAACACTAG GGCTTTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1215	YANG-2203k	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKQPGASVKVSCRASGYALTRLIYVHWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTICAQNLQGRVTLTRDTSTN TFYVELNSLRSEDTALYYCAISGNTRAFEIWGQGTMVTVSL
1216	YANG-2203k	HCDR1	GYALTRLY
1217	YANG-2203k	HCDR2	IKPSGGDT
1218	YANG-2203k	HCDR3	AISGNTRAFEI
1219	YANG-2203k	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAATGGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGCCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACTTGGGATAGTAGTCGGAGTGCGGTGCTTTTCGGCGG AGGGACCAAGATGACCGTCCTA
1220	YANG-2203k	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGMVPKLLIYANNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSRSAVLFGGGTKMTVL
1221	YANG-2203k	LCDR1	SSNIGNNF
1222	YANG-2203k	LCDR2	ANN
1223	YANG-2203k	LCDR3	GTWDSSRSAVL
1224	YANG-2204	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGATCTGAAGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1225	YANG-2204	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLTSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS

[3082]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1226	YANG-2204	HCDR1	GYTFTNYY
1227	YANG-2204	HCDR2	IKPSGGNT
1228	YANG-2204	HCDR3	ARTGDRAFDV
1229	YANG-2204	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTCTCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGCCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1230	YANG-2204	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1231	YANG-2204	LCDR1	SSNIGNNY
1232	YANG-2204	LCDR2	DNN
1233	YANG-2204	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1234	YANG-2205	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA
1235	YANG-2205	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMITVSS
1236	YANG-2205	HCDR1	GYTFTSYY
1237	YANG-2205	HCDR2	IKPSGGNT

[3083]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1238	YANG-2205	HCDR3	ARTGDRAFDV
1239	YANG-2205	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTATTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1240	YANG-2205	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1241	YANG-2205	LCDR1	SSNIGNNF
1242	YANG-2205	LCDR2	DNN
1243	YANG-2205	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1244	YANG-2206	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAACTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTTCGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
1245	YANG-2206	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIFAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1246	YANG-2206	HCDR1	GYTFTSYY
1247	YANG-2206	HCDR2	IKPSGGNT
1248	YANG-2206	HCDR3	ARTGDRAFDV

[3084]

[3085]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1249	YANG-2206	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGGTGACCGTCCTA		
1250	YANG-2206	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKVTVL		
1251	YANG-2206	LCDR1	SSNIGNNY		
1252	YANG-2206	LCDR2	DNN		
1253	YANG-2206	LCDR3	GTWDSSLGAGV		
1254	YANG-2207	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGAATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA		
1255	YANG-2207	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGNRAFDVWGHGTMVTVSS		
1256	YANG-2207	HCDR1	GYTFTNYY		
1257	YANG-2207	HCDR2	IKPSGGNT		
1258	YANG-2207	HCDR3	ARTGNRAFDV		
1259	YANG-2207	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1260	YANG-2207	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1261	YANG-2207	LCDR1	SSNIGNNF
1262	YANG-2207	LCDR2	DNN
1263	YANG-2207	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1264	YANG-2208	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAGGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACATTTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGAGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACTAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGATAATCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTTTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1265	YANG-2208	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVRKPGASVRFSCKTSGYIFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNNLRSEDTAVYFCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1266	YANG-2208	HCDR1	GYIFTNYY
1267	YANG-2208	HCDR2	IKPSGGNT
1268	YANG-2208	HCDR3	ARTGDRAFDV
1269	YANG-2208	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAATGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAACAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCGGCAGTTCCCCGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGGACATGGGATAGCAGCCTGAGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1270	YANG-2208	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSMSAAPGQKVTISCSGNSSNIGNNFVSWYRQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLSAGVFGGGTKLTVL

[3086]

[3087]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1271	YANG-2208	LCDR1	SSNIGNNF
1272	YANG-2208	LCDR2	DNN
1273	YANG-2208	LCDR3	GTWDSSLSAGV
1274	YANG-2209	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTTCTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAACAGTCTGACATCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAATTGGGAATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1275	YANG-2209	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNFYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLITSEDTAVYYCARIGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1276	YANG-2209	HCDR1	GYTFTNFY
1277	YANG-2209	HCDR2	IKPSGGDT
1278	YANG-2209	HCDR3	ARIGNRAFDV
1279	YANG-2209	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAAGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTTTCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATTCTAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1280	YANG-2209	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFSGTAPKLLIYDNSKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1281	YANG-2209	LCDR1	SSNIGNNF
1282	YANG-2209	LCDR2	DNS

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1283	YANG-2209	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1284	YANG-2210	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAACAGTCTGAAATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAGACTGGAGATTGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAGGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
1285	YANG-2210	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLKSEDTAVYYCARTGDWAFDVWGHGTMVTVSS
1286	YANG-2210	HCDR1	GYTFTSYY
1287	YANG-2210	HCDR2	IKPSGGNT
1288	YANG-2210	HCDR3	ARTGDWAFDV
1289	YANG-2210	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1290	YANG-2210	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1291	YANG-2210	LCDR1	SSNIGNNY
1292	YANG-2210	LCDR2	DNN
1293	YANG-2210	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3088]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1294	YANG-2211	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCTGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATTA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTTTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1295	YANG-2211	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLVQSGAEVKKPGASVRFSCKTSGYTFTNYYMWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRTLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1296	YANG-2211	HCDR1	GYTFTNYY
1297	YANG-2211	HCDR2	IKPSGGNT
1298	YANG-2211	HCDR3	ARTGDRAFDV
1299	YANG-2211	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1300	YANG-2211	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1301	YANG-2211	LCDR1	SSNIGNNF
1302	YANG-2211	LCDR2	DNN
1303	YANG-2211	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1304	YANG-2212	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAAATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCATCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAATACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA

[3089]

[3090]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1305	YANG-2212	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTST TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1306	YANG-2212	HCDR1	GYTFINYY
1307	YANG-2212	HCDR2	IKPSGGNT
1308	YANG-2212	HCDR3	ARTGDRAFDV
1309	YANG-2212	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATCATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGCCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCTGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1310	YANG-2212	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNHKRPSGIPDRFSASKSGTSATLGIT GLLTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL
1311	YANG-2212	LCDR1	SSNIGNNY
1312	YANG-2212	LCDR2	DNH
1313	YANG-2212	LCDR3	GTWDSGLGAGV
1314	YANG-2213	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTTACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGAGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGATCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1315	YANG-2213	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPRGGDTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS

[3091]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1316	YANG-2213	HCDR1	GYTFTNYY
1317	YANG-2213	HCDR2	IKPRGGDT
1318	YANG-2213	HCDR3	ARTGDRAFDV
1319	YANG-2213	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACGAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1320	YANG-2213	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYEQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1321	YANG-2213	LCDR1	SSNIGNNF
1322	YANG-2213	LCDR2	DNN
1323	YANG-2213	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1324	YANG-2214	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATCATCA AACCTAGTGGTGGTAACACCATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCTCCATGACCAGGGACACGTCCACGAGC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGACATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1325	YANG-2214	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVRFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVSMTRDTSTS TVYMDLRSLTSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1326	YANG-2214	HCDR1	GYTFTNYY
1327	YANG-2214	HCDR2	IKPSGGNT

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1328	YANG-2214	HCDR3	ARTGDRAFDV
1329	YANG-2214	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		
1330	YANG-2214	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL		
1331	YANG-2214	LCDR1	SSNIGNNF		
1332	YANG-2214	LCDR2	DNN		
1333	YANG-2214	LCDR3	GTWDSSLGAGV		
1334	YANG-2215	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGTTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA		
1335	YANG-2215	VH 도메인 아미노산 서열	QITQLVQSGPEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS		
1336	YANG-2215	HCDR1	GYTFTNYY		
1337	YANG-2215	HCDR2	IKPSGGNT		
1338	YANG-2215	HCDR3	ARTGDRAFDV		

[3092]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1339	YANG-2215	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGAAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1340	YANG-2215	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQKFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1341	YANG-2215	LCDR1	SSNIGNNY
1342	YANG-2215	LCDR2	DNN
1343	YANG-2215	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1344	YANG-2216	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTACATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACACTCTTCGAACAGAAGTTTCAGGGTAGAGTCATCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
1345	YANG-2216	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTLFEQKFQGRVIMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1346	YANG-2216	HCDR1	GYTFTSYY
1347	YANG-2216	HCDR2	IKPSGGNT
1348	YANG-2216	HCDR3	ARTGDRAFDV
1349	YANG-2216	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3093]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1350	YANG-2216	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1351	YANG-2216	LCDR1	SSNIGNNY
1352	YANG-2216	LCDR2	DNN
1353	YANG-2216	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1354	YANG-2217	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCGTGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTTACATCTGAAGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCATGGGACACTGGTCACCGTCTCTTCA
1355	YANG-2217	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTVTRDTSTN TVYLDLSSLTSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTLVTVSS
1356	YANG-2217	HCDR1	GYTFTNYY
1357	YANG-2217	HCDR2	IKPSGGNT
1358	YANG-2217	HCDR3	ARTGDRAFDV
1359	YANG-2217	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGAAG TTCCAACATTGGGAATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1360	YANG-2217	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGRSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL

[3094]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1361	YANG-2217	LCDR1	SSNIGNNY
1362	YANG-2217	LCDR2	DNN
1363	YANG-2217	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1364	YANG-2218	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGATCTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA
1365	YANG-2218	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARSGDRAFDVWGHGTMITVSS
1366	YANG-2218	HCDR1	GYTFTSYY
1367	YANG-2218	HCDR2	IKPSGGNT
1368	YANG-2218	HCDR3	ARSGDRAFDV
1369	YANG-2218	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTTTGTCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1370	YANG-2218	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1371	YANG-2218	LCDR1	SSNIGNNF
1372	YANG-2218	LCDR2	DNN

[3095]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1373	YANG-2218	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1374	YANG-2219	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACACAAGTTTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCCAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1375	YANG-2219	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAHKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1376	YANG-2219	HCDR1	GYTFTNYY
1377	YANG-2219	HCDR2	IKPSGGNT
1378	YANG-2219	HCDR3	ARTGDRAFDV
1379	YANG-2219	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1380	YANG-2219	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1381	YANG-2219	LCDR1	SSNIGNNF
1382	YANG-2219	LCDR2	DNN
1383	YANG-2219	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3096]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1384	YANG-2220	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGACAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCATGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1385	YANG-2220	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQDRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1386	YANG-2220	HCDR1	GYTFTNYY
1387	YANG-2220	HCDR2	IKPSGGNT
1388	YANG-2220	HCDR3	ARTGDRAFDV
1389	YANG-2220	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGAAATATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1390	YANG-2220	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1391	YANG-2220	LCDR1	SSNIGNNF
1392	YANG-2220	LCDR2	DNN
1393	YANG-2220	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1394	YANG-2221	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGCTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATAGTCACCGTCTCTTCA

[3097]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1395	YANG-2221	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLLQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTIVTVSS
1396	YANG-2221	HCDR1	GYTFTNYY
1397	YANG-2221	HCDR2	IKPSGGNT
1398	YANG-2221	HCDR3	ARTGDRAFDV
1399	YANG-2221	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAACAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTATCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTATTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1400	YANG-2221	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGNSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1401	YANG-2221	LCDR1	SSNIGNNY
1402	YANG-2221	LCDR2	DNN
1403	YANG-2221	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1404	YANG-2222	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1405	YANG-2222	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS

[3098]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1406	YANG-2222	HCDR1	GYTFTNYY
1407	YANG-2222	HCDR2	IKPSGGNT
1408	YANG-2222	HCDR3	ARTGDRAFDV
1409	YANG-2222	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTATCTGCGACCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1410	YANG-2222	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSATPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1411	YANG-2222	LCDR1	SSNIGNNF
1412	YANG-2222	LCDR2	DNN
1413	YANG-2222	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1414	YANG-2223	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGTAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1415	YANG-2223	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1416	YANG-2223	HCDR1	GYTFTSYY
1417	YANG-2223	HCDR2	IKPSGGNT

[3099]

[3100]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1418	YANG-2223	HCDR3	ARTGDRAFDV
1419	YANG-2223	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGTAC CTCCAACATTGGGAGTAATTATGTCTCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAGTAAGCGCCCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1420	YANG-2223	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSTSNIGSNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNSKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1421	YANG-2223	LCDR1	TSNIGSNY
1422	YANG-2223	LCDR2	DNS
1423	YANG-2223	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1424	YANG-2224	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1425	YANG-2224	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1426	YANG-2224	HCDR1	GYTFTNYY
1427	YANG-2224	HCDR2	IKPSGGNT
1428	YANG-2224	HCDR3	ARTGDRAFDV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1429	YANG-2224	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGTTTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1430	YANG-2224	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1431	YANG-2224	LCDR1	SSNIGNNF
1432	YANG-2224	LCDR2	DNN
1433	YANG-2224	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1434	YANG-2225	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTAGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACCAATGGTCACCGTCTCTTCA
1435	YANG-2225	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTSGVGVGWIRQPPGKALEWLALIYWDDDKRYSPSLKSRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHSRWELPIDYWGQGTLVTVSS
1436	YANG-2225	HCDR1	GFSLSTSGVG
1437	YANG-2225	HCDR2	LIYWDDDKR
1438	YANG-2225	HCDR3	AHSRWELPIDY
1439	YANG-2225	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATATATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCTTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTTCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3101]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1440	YANG-2225	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLFIYDNNKRPSGISDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1441	YANG-2225	LCDR1	SSNIGNNY
1442	YANG-2225	LCDR2	DNN
1443	YANG-2225	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1444	YANG-2226	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCACCAACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGCAATTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCGTCA
1445	YANG-2226	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTTNYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQQFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLTSLTSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1446	YANG-2226	HCDR1	GYTFTTNY
1447	YANG-2226	HCDR2	IKPSGGDT
1448	YANG-2226	HCDR3	ARTGDRAFDV
1449	YANG-2226	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTATGTATCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACG ATGGAAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGATCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCTCCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATACCAGCCTGGGTTCTGGGGTGTTCGGCGG CGGGACCAAGTTGACCGTCCTA
1450	YANG-2226	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDDGKRPSGIPDRFSGSKSGTSASLGIT GLQTGDEADYYCGTWDTSLGSGVFGGGTKLTVL

[3102]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1451	YANG-2226	LCDR1	SSNIGNNY
1452	YANG-2226	LCDR2	DDG
1453	YANG-2226	LCDR3	GTWDTSLSGV
1454	YANG-2227	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAAGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1455	YANG-2227	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1456	YANG-2227	HCDR1	GYTFTNYY
1457	YANG-2227	HCDR2	IKPSGGDT
1458	YANG-2227	HCDR3	ARTGDRAFDV
1459	YANG-2227	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1460	YANG-2227	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1461	YANG-2227	LCDR1	SSNIGNNF
1462	YANG-2227	LCDR2	DNN

[3103]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1463	YANG-2227	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1464	YANG-2228	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGACAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1465	YANG-2228	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQDRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1466	YANG-2228	HCDR1	GYTFTNYY
1467	YANG-2228	HCDR2	IKPSGGNT
1468	YANG-2228	HCDR3	ARTGDRAFDV
1469	YANG-2228	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGTCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1470	YANG-2228	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYVNNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1471	YANG-2228	LCDR1	SSNIGNNF
1472	YANG-2228	LCDR2	VNN
1473	YANG-2228	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3104]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1474	YANG-2229	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAGGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCATCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTTATACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGTAC ACAGTCTATATGGCCCTGAGCGGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1475	YANG-2229	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVRKPGASVKISCKTSGYTFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGYTIYAQKFQGRVTMTRDTSTY TVYMALSGLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1476	YANG-2229	HCDR1	GYTFINYY
1477	YANG-2229	HCDR2	IKPSGGYT
1478	YANG-2229	HCDR3	ARTGDRAFDV
1479	YANG-2229	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATCATAAGCGACCCTCAGGTATTCCTGACCGATTCTCTGCCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCTGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1480	YANG-2229	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNHKRPSGIPDRFSASKSGTSATLGIT GLLTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL
1481	YANG-2229	LCDR1	SSNIGNNY
1482	YANG-2229	LCDR2	DNH
1483	YANG-2229	LCDR3	GTWDSGLGAGV
1484	YANG-2230	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCCGTGAAGATTTCGTGCAAGCCATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGAGCCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA

[3105]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1485	YANG-2230	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKISCKPSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1486	YANG-2230	HCDR1	GYTFTNYY
1487	YANG-2230	HCDR2	IKPSGGNT
1488	YANG-2230	HCDR3	ARTGDRAFDV
1489	YANG-2230	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGACGCCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGAATATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1490	YANG-2230	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQTPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTVPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEAEYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1491	YANG-2230	LCDR1	SSNIGNNY
1492	YANG-2230	LCDR2	DNN
1493	YANG-2230	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1494	YANG-2231	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATTATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTTTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA
1495	YANG-2231	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMITVSS

[3106]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1496	YANG-2231	HCDR1	GYTFTSYY
1497	YANG-2231	HCDR2	IKPSGGNT
1498	YANG-2231	HCDR3	ARTGDRAFDV
1499	YANG-2231	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTATTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1500	YANG-2231	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1501	YANG-2231	LCDR1	SSNIGNNF
1502	YANG-2231	LCDR2	DNN
1503	YANG-2231	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1504	YANG-2232	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTGCA
1505	YANG-2232	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSA
1506	YANG-2232	HCDR1	GYTFTNYY
1507	YANG-2232	HCDR2	IKPSGGNT

[3107]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1508	YANG-2232	HCDR3	ARTGDRAFDV
1509	YANG-2232	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACCGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1510	YANG-2232	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1511	YANG-2232	LCDR1	SSNIGNNF
1512	YANG-2232	LCDR2	DNN
1513	YANG-2232	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1514	YANG-2233	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACCCCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACCAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTTTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATAGTCACCGTCTCTTCA
1515	YANG-2233	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYPFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYFCARTGDRAFDVWGHGTIVTVSS
1516	YANG-2233	HCDR1	GYPFTNYY
1517	YANG-2233	HCDR2	IKPSGGNT
1518	YANG-2233	HCDR3	ARTGDRAFDV

[3108]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1519	YANG-2233	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTATTATGTTTCCTGGTACCAGCATGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		
1520	YANG-2233	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL		
1521	YANG-2233	LCDR1	SSNIGNNY		
1522	YANG-2233	LCDR2	DNN		
1523	YANG-2233	LCDR3	GTWDSSLGAGV		
1524	YANG-2234	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGACTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCATGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA		
1525	YANG-2234	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGTEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAMYYCARTGDRAFDVWGHGTVVTVSS		
1526	YANG-2234	HCDR1	GYTFTNYY		
1527	YANG-2234	HCDR2	IKPSGGNT		
1528	YANG-2234	HCDR3	ARTGDRAFDV		
1529	YANG-2234	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTTTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTATTATGTTTCCTGGTACCAACACGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		

[3109]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1530	YANG-2234	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVFAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1531	YANG-2234	LCDR1	SSNIGNNY
1532	YANG-2234	LCDR2	DNN
1533	YANG-2234	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1534	YANG-2235	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTACTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGTCCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACGCGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1535	YANG-2235	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPTGGNTIYAQNFQGRVTMSRDTSTN TVYMDLRSLRSEDAAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1536	YANG-2235	HCDR1	GYTFTNYY
1537	YANG-2235	HCDR2	IKPTGGNT
1538	YANG-2235	HCDR3	ARTGDRAFDV
1539	YANG-2235	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGACCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1540	YANG-2235	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSATPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL

[3110]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1541	YANG-2235	LCDR1	SSNIGNNF
1542	YANG-2235	LCDR2	DNN
1543	YANG-2235	LCDR3	GTWDSGLGAGV
1544	YANG-2236	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATTTGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTACTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGGTAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1545	YANG-2236	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYLVWVRQAPGQGLEWMGIIKPTGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGGRAFDVWGQGTMVTVSS
1546	YANG-2236	HCDR1	GYTFTNYY
1547	YANG-2236	HCDR2	IKPTGGNT
1548	YANG-2236	HCDR3	ARTGGRAFDV
1549	YANG-2236	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAACAG CTCCAATATTGGGGATAATTTTGTCTCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAGGCTGACCGTCCTA
1550	YANG-2236	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGNSSNIGDNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTRLTVL
1551	YANG-2236	LCDR1	SSNIGDNF
1552	YANG-2236	LCDR2	DNN

[3111]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1553	YANG-2236	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1554	YANG-2237	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCTTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGGAC ACAGTCTACATGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
1555	YANG-2237	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTD TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1556	YANG-2237	HCDR1	GYTFTNYY
1557	YANG-2237	HCDR2	IKPSGGNT
1558	YANG-2237	HCDR3	ARTGDRAFDV
1559	YANG-2237	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCTTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTATTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1560	YANG-2237	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGILDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1561	YANG-2237	LCDR1	SSNIGNNY
1562	YANG-2237	LCDR2	DNN
1563	YANG-2237	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3112]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1564	YANG-2238	VH 도메인 핵산 서열	CAGCTGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCTTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTTACACGAGCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGTAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAAGACTGGTGATAGGGC ATTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA
1565	YANG-2238	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQALGQGLEWMGIIKPSGGYTSYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTVVTVSS
1566	YANG-2238	HCDR1	GYTFTNYY
1567	YANG-2238	HCDR2	IKPSGGYT
1568	YANG-2238	HCDR3	ARTGDRAFDV
1569	YANG-2238	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCCTCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1570	YANG-2238	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTLSCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1571	YANG-2238	LCDR1	SSNIGNNY
1572	YANG-2238	LCDR2	DNN
1573	YANG-2238	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1574	YANG-2239	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACATATTCACCAACTATTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGCGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATATGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAAGACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA

[3113]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1575	YANG-2239	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYIFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRYEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTVVTVSS
1576	YANG-2239	HCDR1	GYIFTNYY
1577	YANG-2239	HCDR2	IKPSGGNT
1578	YANG-2239	HCDR3	ARTGDRAFDV
1579	YANG-2239	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1580	YANG-2239	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1581	YANG-2239	LCDR1	SSNIGNNY
1582	YANG-2239	LCDR2	DNN
1583	YANG-2239	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1584	YANG-2240	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCATCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1585	YANG-2240	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS

[3114]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1586	YANG-2240	HCDR1	GYTFINYY
1587	YANG-2240	HCDR2	IKPSGGNT
1588	YANG-2240	HCDR3	ARTGDRAFDV
1589	YANG-2240	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATCATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGCCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1590	YANG-2240	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNHKRPSGIPDRFSASKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL
1591	YANG-2240	LCDR1	SSNIGNNF
1592	YANG-2240	LCDR2	DNH
1593	YANG-2240	LCDR3	GTWDSGLGAGV
1594	YANG-2241	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTATATCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGAGGACACGTCCACGGAC ACAGTCTATTTGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA
1595	YANG-2241	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTSGVGVGWIRQPPGKALEWLALIYWNDDKRYSPSLKSRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHRRWELVPFDYWGQGTLVTVSS
1596	YANG-2241	HCDR1	GYIFTNYY
1597	YANG-2241	HCDR2	IKPSGGNT

[3115]

[3116]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1598	YANG-2241	HCDR3	ARTGDRAFDV
1599	YANG-2241	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAATTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTG
1600	YANG-2241	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1601	YANG-2241	LCDR1	SSNIGNNY
1602	YANG-2241	LCDR2	DNN
1603	YANG-2241	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1604	YANG-2242	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGTTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAATGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAATTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACAGTCTTCATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA
1605	YANG-2242	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVFMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTVVTVSS
1606	YANG-2242	HCDR1	GYTFTSYY
1607	YANG-2242	HCDR2	IKPSGGNT
1608	YANG-2242	HCDR3	ARTGDRAFDV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1609	YANG-2242	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCTGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTTTGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCTCC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCCAACTGACCGTCCTA
1610	YANG-2242	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYLQFPGTAPKLLIFDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIS GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTQLTVL
1611	YANG-2242	LCDR1	SSNIGNNF
1612	YANG-2242	LCDR2	DNN
1613	YANG-2242	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1614	YANG-2243	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAATTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1615	YANG-2243	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1616	YANG-2243	HCDR1	GYTFTNYY
1617	YANG-2243	HCDR2	IKPSGGNT
1618	YANG-2243	HCDR3	ARTGDRAFDV
1619	YANG-2243	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTATCTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGGTGACCGTCCTA

[3117]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1620	YANG-2243	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYLSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKVTVL
1621	YANG-2243	LCDR1	SSNIGNNY
1622	YANG-2243	LCDR2	DNN
1623	YANG-2243	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1624	YANG-2244	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGACCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1625	YANG-2244	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGTSVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1626	YANG-2244	HCDR1	GYTFTNYY
1627	YANG-2244	HCDR2	IKPSGGNT
1628	YANG-2244	HCDR3	ARTGDRAFDV
1629	YANG-2244	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCACGCTGACCGTCCTA
1630	YANG-2244	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTTLTVL

[3118]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1631	YANG-2244	LCDR1	SSNIGNNY
1632	YANG-2244	LCDR2	DNN
1633	YANG-2244	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1634	YANG-2245	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGTAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACAAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACCAATGGTCACCGTGTCTTCA
1635	YANG-2245	VH 도메인 아미노산 서열	QITQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1636	YANG-2245	HCDR1	GYTFTSYY
1637	YANG-2245	HCDR2	IKPSGGNT
1638	YANG-2245	HCDR3	ARTGDRAFDV
1639	YANG-2245	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCCCCATCTCCTGCACCCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGGACAAACCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCCGGCTCCAAGTCTGGCACGGCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1640	YANG-2245	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVPISCPGSSSNIGNNYVSWYHQFPGTTPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTAATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1641	YANG-2245	LCDR1	SSNIGNNY
1642	YANG-2245	LCDR2	DNN

[3119]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1643	YANG-2245	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1644	YANG-2246	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCGGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGCGGTGACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAGAACTGGGAATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAGGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1645	YANG-2246	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1646	YANG-2246	HCDR1	GYTFTNYY
1647	YANG-2246	HCDR2	IKPSGGDT
1648	YANG-2246	HCDR3	ARTGNRAFDV
1649	YANG-2246	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1650	YANG-2246	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1651	YANG-2246	LCDR1	SSNIGNNY
1652	YANG-2246	LCDR2	DNN
1653	YANG-2246	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3120]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1654	YANG-2247	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCGACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATGATCA AACCCAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGGTCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGCACAAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1655	YANG-2247	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTDYYMVWVRQAPGQGLEWMGMIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCTRTGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1656	YANG-2247	HCDR1	GYTFTDYY
1657	YANG-2247	HCDR2	IKPSGGNT
1658	YANG-2247	HCDR3	TRTGNRAFDV
1659	YANG-2247	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGCGAATATTATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTTTGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1660	YANG-2247	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIANNYVSWYQQFPGTAPKLLIFDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1661	YANG-2247	LCDR1	SSNIANNY
1662	YANG-2247	LCDR2	DNN
1663	YANG-2247	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1664	YANG-2248	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGCCAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGACAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA

[3121]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1665	YANG-2248	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQDRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1666	YANG-2248	HCDR1	GYTFTNYY
1667	YANG-2248	HCDR2	IKPSGGNT
1668	YANG-2248	HCDR3	ARTGDRAFDV
1669	YANG-2248	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGTCA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1670	YANG-2248	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYVNNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1671	YANG-2248	LCDR1	SSNIGNNF
1672	YANG-2248	LCDR2	VNN
1673	YANG-2248	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1674	YANG-2249	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAAGTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCCAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1675	YANG-2249	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTKYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS

[3122]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1676	YANG-2249	HCDR1	GYTFTKYY
1677	YANG-2249	HCDR2	IKPSGGNT
1678	YANG-2249	HCDR3	ARTGDRAFDV
1679	YANG-2249	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTATTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAA CTCCAACATTGGGAATATATTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1680	YANG-2249	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSNSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1681	YANG-2249	LCDR1	NSNIGNNF
1682	YANG-2249	LCDR2	DNN
1683	YANG-2249	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1684	YANG-2250	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGTCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1685	YANG-2250	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGSSVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1686	YANG-2250	HCDR1	GYTFTNYY
1687	YANG-2250	HCDR2	IKPSGGNT

[3123]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1688	YANG-2250	HCDR3	ARTGDRAFDV
1689	YANG-2250	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGACCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCCAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCCAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1690	YANG-2250	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSATPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPQLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSQSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1691	YANG-2250	LCDR1	SSNIGNNF
1692	YANG-2250	LCDR2	DNN
1693	YANG-2250	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1694	YANG-2251	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAAATTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTTCATGGAACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1695	YANG-2251	VH 도메인 아미노산 서열	QITQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVFMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1696	YANG-2251	HCDR1	GYTFTSYY
1697	YANG-2251	HCDR2	IKPSGGNT
1698	YANG-2251	HCDR3	ARTGDRAFDV

[3124]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1699	YANG-2251	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG TTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1700	YANG-2251	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1701	YANG-2251	LCDR1	SSNIGNNY
1702	YANG-2251	LCDR2	DNN
1703	YANG-2251	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1704	YANG-2252	VH 도메인 핵산 서열	CAGATCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1705	YANG-2252	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1706	YANG-2252	HCDR1	GYTFTNYY
1707	YANG-2252	HCDR2	IKPSGGNT
1708	YANG-2252	HCDR3	ARTGDRAFDV
1709	YANG-2252	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGTCGCCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3125]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1710	YANG-2252	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQSPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1711	YANG-2252	LCDR1	SSNIGNNF
1712	YANG-2252	LCDR2	DNN
1713	YANG-2252	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1714	YANG-2253	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCACTGAGGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCTTGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCATGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC CTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1715	YANG-2253	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASLRISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTLTRDTSTN TVYLDLNSLRSEDTAMYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1716	YANG-2253	HCDR1	GYTFTNYY
1717	YANG-2253	HCDR2	IKPSGGNT
1718	YANG-2253	HCDR3	ARTGDRAFDV
1719	YANG-2253	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGAGTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1720	YANG-2253	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRVSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL

[3126]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1721	YANG-2253	LCDR1	SSNIGNNY
1722	YANG-2253	LCDR2	DNN
1723	YANG-2253	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1724	YANG-2254	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAAATTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAACAGTCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGAATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1725	YANG-2254	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLTSEDTAVYYCARTGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1726	YANG-2254	HCDR1	GYTFTNYY
1727	YANG-2254	HCDR2	IKPSGGNT
1728	YANG-2254	HCDR3	ARTGNRAFDV
1729	YANG-2254	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATATATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATTCTAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
1730	YANG-2254	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNSKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1731	YANG-2254	LCDR1	SSNIGNNF
1732	YANG-2254	LCDR2	DNS

[3127]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1733	YANG-2254	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1734	YANG-2255	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACACACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGACGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA		
1735	YANG-2255	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYTQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSDDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS		
1736	YANG-2255	HCDR1	GYTFTNYY		
1737	YANG-2255	HCDR2	IKPSGGNT		
1738	YANG-2255	HCDR3	ARTGDRAFDV		
1739	YANG-2255	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTACTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		
1740	YANG-2255	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGTGVFGGGTKLTVL		
1741	YANG-2255	LCDR1	SSNIGNNF		
1742	YANG-2255	LCDR2	DNN		
1743	YANG-2255	LCDR3	GTWDSSLGTGV		

[3128]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1744	YANG-2256	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGCAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTTTATTATTGTGCGAGAGACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACACTGGTCACCGTCTCTTCA
1745	YANG-2256	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQQFQGRATMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTLVTVSS
1746	YANG-2256	HCDR1	GYTFTSYY
1747	YANG-2256	HCDR2	IKPSGGNT
1748	YANG-2256	HCDR3	ARTGDRAFDV
1749	YANG-2256	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGATCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGAAATATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGACTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCGCGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTG
1750	YANG-2256	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKITISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGASATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1751	YANG-2256	LCDR1	SSNIGNNF
1752	YANG-2256	LCDR2	DNN
1753	YANG-2256	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1754	YANG-2257	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGGAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGTTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AATCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCCGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGCAC ACAGTCTACATGGACCTGAACAGTCTGACATATGAAGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAAGTGGGAATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCATGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA

[3129]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1755	YANG-2257	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKEPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKSSGGDTIYAQKFQGRVTMTRDTSTH TVYMDLNSLTYEDTAVYYCARSGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1756	YANG-2257	HCDR1	GYTFTSYY
1757	YANG-2257	HCDR2	IKSSGGDT
1758	YANG-2257	HCDR3	ARSGNRAFDV
1759	YANG-2257	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTTTGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATACTAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1760	YANG-2257	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNTKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1761	YANG-2257	LCDR1	SSNIGNNF
1762	YANG-2257	LCDR2	DNT
1763	YANG-2257	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1764	YANG-2258	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGCGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCCGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGATACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1765	YANG-2258	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS

[3130]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1766	YANG-2258	HCDR1	GYTFTNYY
1767	YANG-2258	HCDR2	IKPSGGNT
1768	YANG-2258	HCDR3	ARTGDRAFDV
1769	YANG-2258	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGTAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1770	YANG-2258	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCVTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1771	YANG-2258	LCDR1	SSNIGNNY
1772	YANG-2258	LCDR2	DNN
1773	YANG-2258	LCDR3	VTWDSSLGAGV
1774	YANG-2259	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAAATTGGTGCAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT AAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCCAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAGGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1775	YANG-2259	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN KVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1776	YANG-2259	HCDR1	GYTFTNYY
1777	YANG-2259	HCDR2	IKPSGGNT

[3131]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1778	YANG-2259	HCDR3	ARTGDRAFDV
1779	YANG-2259	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1780	YANG-2259	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1781	YANG-2259	LCDR1	SSNIGNNF
1782	YANG-2259	LCDR2	DNN
1783	YANG-2259	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1784	YANG-2260	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCATCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAATTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1785	YANG-2260	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARIGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1786	YANG-2260	HCDR1	GYTFINYY
1787	YANG-2260	HCDR2	IKPSGGNT
1788	YANG-2260	HCDR3	ARIGDRAFDV

[3132]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1789	YANG-2260	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATACTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAGCTCCTCATTTATGACA ATCATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGCCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1790	YANG-2260	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNHKRPSGIPDRFSASKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL
1791	YANG-2260	LCDR1	SSNIGNNF
1792	YANG-2260	LCDR2	DNH
1793	YANG-2260	LCDR3	GTWDSGLGAGV
1794	YANG-2261	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTAATGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ATAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1795	YANG-2261	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSNGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN IVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1796	YANG-2261	HCDR1	GYTFTNYY
1797	YANG-2261	HCDR2	IKPSNGNT
1798	YANG-2261	HCDR3	ARTGDRAFDV
1799	YANG-2261	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGTCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGAATATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3133]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1800	YANG-2261	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTVPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEAEYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1801	YANG-2261	LCDR1	SSNIGNNY
1802	YANG-2261	LCDR2	DNN
1803	YANG-2261	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1804	YANG-2262	VH 도메인 핵산 서열	CAGATCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTACATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC TCAGTCTATATGGAGCTGAGGAGCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1805	YANG-2262	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVRFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN SVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1806	YANG-2262	HCDR1	GYTFTNYY
1807	YANG-2262	HCDR2	IKPSGGDT
1808	YANG-2262	HCDR3	ARTGDRAFDV
1809	YANG-2262	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGGCTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1810	YANG-2262	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGRSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL

[3134]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1811	YANG-2262	LCDR1	SSNIGNNF
1812	YANG-2262	LCDR2	DNN
1813	YANG-2262	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1814	YANG-2263	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTCACCTTCGCCAACTACTATGTGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACTTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA
1815	YANG-2263	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGFTFANYYVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTVVTVSS
1816	YANG-2263	HCDR1	GFTFANYY
1817	YANG-2263	HCDR2	IKPSGGNT
1818	YANG-2263	HCDR3	ARTGDRAFDV
1819	YANG-2263	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1820	YANG-2263	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1821	YANG-2263	LCDR1	SSNIGNNY
1822	YANG-2263	LCDR2	DNN

[3135]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1823	YANG-2263	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1824	YANG-2264	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTACATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAATGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAAGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACACTGGTCACCGTCTCTTCA			
1825	YANG-2264	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRATMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTLVTVSS
1826	YANG-2264	HCDR1	GYTFTSYY
1827	YANG-2264	HCDR2	IKPSGGNT
1828	YANG-2264	HCDR3	ARTGDRAFDV
1829	YANG-2264	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGATCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGACTCCTGCCCGATCCTCTGGCTCCAAGTCTGGCGCGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGCCTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTG
1830	YANG-2264	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQIPGTAPKLLIYDNNKRPSGTPARSSGSKSGASATLGIT GLQPGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1831	YANG-2264	LCDR1	SSNIGNNY
1832	YANG-2264	LCDR2	DNN
1833	YANG-2264	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3136]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1834	YANG-2265	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAACTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGCGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1835	YANG-2265	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLVQSGAEVKKPGASVNFSCKTSGYTFTNYYMYWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1836	YANG-2265	HCDR1	GYTFTNYY
1837	YANG-2265	HCDR2	IKPSGGNT
1838	YANG-2265	HCDR3	ARTGDRAFDV
1839	YANG-2265	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1840	YANG-2265	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1841	YANG-2265	LCDR1	SSNIGNNF
1842	YANG-2265	LCDR2	DNN
1843	YANG-2265	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1844	YANG-2266	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA

[3137]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1845	YANG-2266	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1846	YANG-2266	HCDR1	GYTFTNYY
1847	YANG-2266	HCDR2	IKPSGGNT
1848	YANG-2266	HCDR3	ARTGDRAFDV
1849	YANG-2266	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCCAAACTGACCGTCCTA
1850	YANG-2266	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1851	YANG-2266	LCDR1	SSNIGNNY
1852	YANG-2266	LCDR2	DNN
1853	YANG-2266	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1854	YANG-2267	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTTTCTGCAAGACATCTGG ATACCCCTTCAGCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGCTGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACAGTCTATTTGGACCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGCGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1855	YANG-2267	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKLFCKTSGYPFSNYYMVWVRQAPGQGLEWLGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLTSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS

[3138]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1856	YANG-2267	HCDR1	GYPFSNYY
1857	YANG-2267	HCDR2	IKPSGGNT
1858	YANG-2267	HCDR3	ARTGDRAFDV
1859	YANG-2267	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG TTCCAACATTGGGAGTAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1860	YANG-2267	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGSNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1861	YANG-2267	LCDR1	SSNIGSNY
1862	YANG-2267	LCDR2	DNN
1863	YANG-2267	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1864	YANG-2268	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACCATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGC ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1865	YANG-2268	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPALVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTSGVGVGWIRQPPGKALEWLALIYWDDDKRYSPSLKSRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHRSLSTSICAFDYWGQGTLVTVSS
1866	YANG-2268	HCDR1	GYTFTNYY
1867	YANG-2268	HCDR2	IKPSGGNT

[3139]

[3140]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1868	YANG-2268	HCDR3	ARTGDRAFDV
1869	YANG-2268	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTCTTGACTCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCTGCCCCAGGACAGAAGGTCAACATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCTCAGGAACCCCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACCAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1870	YANG-2268	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVNISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFSGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1871	YANG-2268	LCDR1	SSNIGNNF
1872	YANG-2268	LCDR2	DNN
1873	YANG-2268	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1874	YANG-2269	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATATATCTTCACCAAGTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCGGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGCGGTGACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC AGTCTATATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGAAATAGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1875	YANG-2269	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYIFTKYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1876	YANG-2269	HCDR1	GYIFTKYY
1877	YANG-2269	HCDR2	IKPSGGDT
1878	YANG-2269	HCDR3	ARTGNRAFDV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1879	YANG-2269	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCGTCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGGCCGTCCTT		
1880	YANG-2269	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTVSCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLAVL		
1881	YANG-2269	LCDR1	SSNIGNNF		
1882	YANG-2269	LCDR2	DNN		
1883	YANG-2269	LCDR3	GTWDSSLGAGV		
1884	YANG-2270	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGCAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAGGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA		
1885	YANG-2270	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVRFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTH TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMITVSS		
1886	YANG-2270	HCDR1	GYTFTSYY		
1887	YANG-2270	HCDR2	IKPSGGNT		
1888	YANG-2270	HCDR3	ARTGDRAFDV		
1889	YANG-2270	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGAAATATTTTGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		

[3141]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1890	YANG-2270	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1891	YANG-2270	LCDR1	SSNIGNNF
1892	YANG-2270	LCDR2	DNN
1893	YANG-2270	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1894	YANG-2271	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGCAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTTCTATATCGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAATCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1895	YANG-2271	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVQKPGASVKFSCKTSGYTFTNFYIVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TIYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1896	YANG-2271	HCDR1	GYTFTNFY
1897	YANG-2271	HCDR2	IKPSGGNT
1898	YANG-2271	HCDR3	ARTGDRAFDV
1899	YANG-2271	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATCATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGTTGACCGTCCTA
1900	YANG-2271	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL

[3142]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1901	YANG-2271	LCDR1	SSNIGNNF
1902	YANG-2271	LCDR2	DNH
1903	YANG-2271	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1904	YANG-2272	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCATCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAAAACTGGGGATAGGGC TTTTTAATGTCTGGGGCCACGGGACCAATGGTCACCGTCTCTTCA
1905	YANG-2272	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVIMTRDTSTN TVYLDLNSLRSEDTAVYYCAKTGDRAFNVWGHGTMVTVSS
1906	YANG-2272	HCDR1	GYTFTNYY
1907	YANG-2272	HCDR2	IKPSGGNT
1908	YANG-2272	HCDR3	AKTGDRAFNV
1909	YANG-2272	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTCGAAATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCTGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTT
1910	YANG-2272	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIRNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1911	YANG-2272	LCDR1	SSNIRNNY
1912	YANG-2272	LCDR2	DNN

[3143]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1913	YANG-2272	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1914	YANG-2273	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1915	YANG-2273	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
1916	YANG-2273	HCDR1	GYTFTNYY
1917	YANG-2273	HCDR2	IKPSGGNT
1918	YANG-2273	HCDR3	ARTGDRAFDV
1919	YANG-2273	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1920	YANG-2273	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1921	YANG-2273	LCDR1	SSNIGNNF
1922	YANG-2273	LCDR2	DNN
1923	YANG-2273	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3144]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1924	YANG-2274	VH 도메인 핵산 서열	CAGCTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGTTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAATGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACAGTCTTCATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAAGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACACTGGTCACCGTCTCTACA
1925	YANG-2274	VH 도메인 아미노산 서열	QLQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVFMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTLVTVST
1926	YANG-2274	HCDR1	GYTFTSYY
1927	YANG-2274	HCDR2	IKPSGGNT
1928	YANG-2274	HCDR3	ARTGDRAFDV
1929	YANG-2274	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTTTCCTGGTACCTGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGTTCGGCGG AGGGACCCAGCTGACCGTCCTA
1930	YANG-2274	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYLQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTQLTVL
1931	YANG-2274	LCDR1	SSNIGNNF
1932	YANG-2274	LCDR2	DNN
1933	YANG-2274	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1934	YANG-2275	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCGGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGCGGTGACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGGAATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA

[3145]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1935	YANG-2275	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLTSLRSEDTAVYYCARTGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1936	YANG-2275	HCDR1	GYTFTNYY
1937	YANG-2275	HCDR2	IKPSGGDT
1938	YANG-2275	HCDR3	ARTGNRAFDV
1939	YANG-2275	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGGAATATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAGGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1940	YANG-2275	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSRSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1941	YANG-2275	LCDR1	SSNIGNNY
1942	YANG-2275	LCDR2	DNN
1943	YANG-2275	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1944	YANG-2276	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTTCAGGGCAGAGTCACCATGGCCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1945	YANG-2276	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMARDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS

[3146]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1946	YANG-2276	HCDR1	GYTFTNYY
1947	YANG-2276	HCDR2	IKPSGGNT
1948	YANG-2276	HCDR3	ARTGDRAFDV
1949	YANG-2276	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCTCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGTCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATATCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1950	YANG-2276	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSVTLGIT GLQTGDEADYYCGTWDISLGAGVFGGGTKLTVL
1951	YANG-2276	LCDR1	SSNIGNNY
1952	YANG-2276	LCDR2	DNN
1953	YANG-2276	LCDR3	GTWDISLGAGV
1954	YANG-2277	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAATTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGCTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1955	YANG-2277	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGPTLVKPTQTLTLTCTFSGFSLSTSGVGVGWIRQPPGKALEWLALIYWNDDKRYSPSLKSRLTITKDTSK NQVVLTMTNMDPVDTATYYCAHSRWELPIDYWGQGTLVTVSS
1956	YANG-2277	HCDR1	GFSLSTSGVG
1957	YANG-2277	HCDR2	IWNDDKR

[3147]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1958	YANG-2277	HCDR3	ARTADRAFDV
1959	YANG-2277	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCATGTTGACCGTCCTA
1960	YANG-2277	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTMLTVL
1961	YANG-2277	LCDR1	SSNIGNNF
1962	YANG-2277	LCDR2	DNN
1963	YANG-2277	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1964	YANG-2278	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
1965	YANG-2278	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1966	YANG-2278	HCDR1	GYTFTSYY
1967	YANG-2278	HCDR2	IKPSGGNT
1968	YANG-2278	HCDR3	ARTGDRAFDV

[3148]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1969	YANG-2278	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1970	YANG-2278	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1971	YANG-2278	LCDR1	SSNIGNNY
1972	YANG-2278	LCDR2	DNN
1973	YANG-2278	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1974	YANG-2279	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACGGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTACTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1975	YANG-2279	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNAIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
1976	YANG-2279	HCDR1	GYTFTNYY
1977	YANG-2279	HCDR2	IKPSGGNA
1978	YANG-2279	HCDR3	ARTGDRAFDV
1979	YANG-2279	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3149]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1980	YANG-2279	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
1981	YANG-2279	LCDR1	SSNIGNNY
1982	YANG-2279	LCDR2	DNN
1983	YANG-2279	LCDR3	GTWDSSLGAGV
1984	YANG-2280	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACATTTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATAATCA AACCTAGTGGAGGTAACACAATCTTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACTAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGTAATCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTTTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGTCAATGGTCACCGTCTCTTCA
1985	YANG-2280	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYIFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNNLRSEDTAVYFCARTGDRAFDVWGQGSMVTVSS
1986	YANG-2280	HCDR1	GYIFTNYY
1987	YANG-2280	HCDR2	IKPSGGNT
1988	YANG-2280	HCDR3	ARTGDRAFDV
1989	YANG-2280	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAATGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCGGCAGTTCCCCGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGGACATGGGATAGCAGCCTGAGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
1990	YANG-2280	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSMSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYRQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLSAGVFGGGTKLTVL

[3150]

[3151]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
1991	YANG-2280	LCDR1	SSNIGNNF
1992	YANG-2280	LCDR2	DNN
1993	YANG-2280	LCDR3	GTWDSSLSAGV
1994	YANG-2281	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATATATTTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCTCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAGGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGAGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGAATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
1995	YANG-2281	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYIFTNYYMVWVRQASGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQRFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGNRAFDVWGHGTMVTVSS
1996	YANG-2281	HCDR1	GYIFTNYY
1997	YANG-2281	HCDR2	IKPSGGNT
1998	YANG-2281	HCDR3	ARTGNRAFDV
1999	YANG-2281	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGCGAATATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTTTGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2000	YANG-2281	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIANNYVSWYQQFPGTAPKLLIFDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2001	YANG-2281	LCDR1	SSNIANNY
2002	YANG-2281	LCDR2	DNN

[3152]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2003	YANG-2281	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2004	YANG-2282	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGTTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAGACTGGAGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
2005	YANG-2282	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2006	YANG-2282	HCDR1	GYTFTSYY
2007	YANG-2282	HCDR2	IKPSGGNT
2008	YANG-2282	HCDR3	ARTGDRAFDV
2009	YANG-2282	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTTGCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCGCC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2010	YANG-2282	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFAGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGITA GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2011	YANG-2282	LCDR1	SSNIGNNY
2012	YANG-2282	LCDR2	DNN
2013	YANG-2282	LCDR3	GTWDSSLGAGV

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2014	YANG-2283	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACAGCTTCATCAATTATTATATGGTCTGGGTGCGCCAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGCGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA
2015	YANG-2283	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYSFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMITVSS
2016	YANG-2283	HCDR1	GYSFINYY
2017	YANG-2283	HCDR2	IKPSGGNT
2018	YANG-2283	HCDR3	ARTGDRAFDV
2019	YANG-2283	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAA CTCCAACATTGGGAATATTTTGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGTTGACCGTCCTA
2020	YANG-2283	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSNSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2021	YANG-2283	LCDR1	NSNIGNNF
2022	YANG-2283	LCDR2	DNN
2023	YANG-2283	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2024	YANG-2284	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGAATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA

[3153]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2025	YANG-2284	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2026	YANG-2284	HCDR1	GYTFTSYY
2027	YANG-2284	HCDR2	IKPSGGNT
2028	YANG-2284	HCDR3	ARTGDRAFDV
2029	YANG-2284	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGCTTCCAAGACTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACCCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2030	YANG-2284	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSASKTGTSATLGIT GPQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2031	YANG-2284	LCDR1	SSNIGNNY
2032	YANG-2284	LCDR2	DNN
2033	YANG-2284	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2034	YANG-2285	VH 도메인 핵산 서열	CAAATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCATCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA ATCCTAGTGGTGGTAATACGGGTCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2035	YANG-2285	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIINPSGGNTVYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS

[3154]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2036	YANG-2285	HCDR1	GYTFINYY
2037	YANG-2285	HCDR2	INPSGGNT
2038	YANG-2285	HCDR3	ARTGDRAFDV
2039	YANG-2285	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATCATAGGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGCCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCTGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2040	YANG-2285	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNHRRPSGIPDRFSASKSGTSATLGIT GLLTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL
2041	YANG-2285	LCDR1	SSNIGNNY
2042	YANG-2285	LCDR2	DNH
2043	YANG-2285	LCDR3	GTWDSGLGAGV
2044	YANG-2286	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAATTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGACC ACAGTCTATTTGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2045	YANG-2286	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTT TVYLDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2046	YANG-2286	HCDR1	GYTFTNYY
2047	YANG-2286	HCDR2	IKPSGGNT

[3155]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2048	YANG-2286	HCDR3	ARTGDRAFDV
2049	YANG-2286	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAACCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCACGCTGACCGTCCTA
2050	YANG-2286	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGTSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTTLTVL
2051	YANG-2286	LCDR1	SSNIGNNY
2052	YANG-2286	LCDR2	DNN
2053	YANG-2286	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2054	YANG-2287	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC AGTCTACATGGAGCTGAGGAGCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTTTATATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2055	YANG-2287	VH 도메인 아미노산 서열	QITLKESGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRTLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2056	YANG-2287	HCDR1	GYTFTNYY
2057	YANG-2287	HCDR2	IKPSGGNT
2058	YANG-2287	HCDR3	ARTGDRAFDV

[3156]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2059	YANG-2287	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGATTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAGGCTGACCGTCCTA
2060	YANG-2287	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GFQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTRLTVL
2061	YANG-2287	LCDR1	SSNIGNNF
2062	YANG-2287	LCDR2	DNN
2063	YANG-2287	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2064	YANG-2288	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCAACATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGACCTGAGTAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2065	YANG-2288	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVNMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2066	YANG-2288	HCDR1	GYTFTSYY
2067	YANG-2288	HCDR2	IKPSGGNT
2068	YANG-2288	HCDR3	ARTGDRAFDV
2069	YANG-2288	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGTAC CTCCAACATTGGGACTAATTATGTCTCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAGTAAGCGCCCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA

[3157]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2070	YANG-2288	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSTSNIGTNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNSKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2071	YANG-2288	LCDR1	TSNIGTNY
2072	YANG-2288	LCDR2	DNS
2073	YANG-2288	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2074	YANG-2289	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAATGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2075	YANG-2289	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLTSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2076	YANG-2289	HCDR1	GYTFTNYY
2077	YANG-2289	HCDR2	IKPSGGNT
2078	YANG-2289	HCDR3	ARTGDRAFDV
2079	YANG-2289	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGAAATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2080	YANG-2289	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL

[3158]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2081	YANG-2289	LCDR1	SSNIGNNY
2082	YANG-2289	LCDR2	DNN
2083	YANG-2289	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2084	YANG-2290	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGACTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTGGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAATTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAACAGTCTGCGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA		
2085	YANG-2290	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGTEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPGGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTVVTVSS		
2086	YANG-2290	HCDR1	GYTFTNYY		
2087	YANG-2290	HCDR2	IKPGGGNT		
2088	YANG-2290	HCDR3	ARTGDRAFDV		
2089	YANG-2290	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATGTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		
2090	YANG-2290	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTMSCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL		
2091	YANG-2290	LCDR1	SSNIGNNY		
2092	YANG-2290	LCDR2	DNN		

[3159]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2093	YANG-2290	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2094	YANG-2291	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTTTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA
2095	YANG-2291	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYFCARTGDRAFDVWGHGTMITVSS
2096	YANG-2291	HCDR1	GYTFTSYY
2097	YANG-2291	HCDR2	IKPSGGNT
2098	YANG-2291	HCDR3	ARTGDRAFDV
2099	YANG-2291	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGAAATATTTTGTATCCTGGTACCAACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2100	YANG-2291	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2101	YANG-2291	LCDR1	SSNIGNNF
2102	YANG-2291	LCDR2	DNN
2103	YANG-2291	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3160]

[3161]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2104	YANG-2292	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATCTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCATCAACTATTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCGGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCCAGTGGTGGTAACACGGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2105	YANG-2292	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFINYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2106	YANG-2292	HCDR1	GYTFINYY
2107	YANG-2292	HCDR2	IKPSGGNT
2108	YANG-2292	HCDR3	ARTGDRAFDV
2109	YANG-2292	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2110	YANG-2292	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2111	YANG-2292	LCDR1	SSNIGNNY
2112	YANG-2292	LCDR2	DNN
2113	YANG-2292	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2114	YANG-2293	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGCTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGCGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTATACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCTCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTGCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTTTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATTTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2115	YANG-2293	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLLQSGAEVKKPGASAKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKCQGRVTMTRDTSTN TVYLDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDFWGHGTMVTVSS
2116	YANG-2293	HCDR1	GYTFTNYY
2117	YANG-2293	HCDR2	IKPSGGNT
2118	YANG-2293	HCDR3	ARTGDRAFDF
2119	YANG-2293	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTATCACCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTATTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2120	YANG-2293	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYHQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2121	YANG-2293	LCDR1	SSNIGNNY
2122	YANG-2293	LCDR2	DNN
2123	YANG-2293	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2124	YANG-2294	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGCGAAGAAGCCAGGGGGCCCCAGTGAAGTTTTCTGGCAAGACATCTGG ATACAACTTCACCAACTACTACATGGNCTGTGTGCGACAGGCCCCTGAACAGGGACTTTAGTGGATGGGCATAATTA AACCTAGCGGTGGTAACACAATCTCCGCACAGAAGTACCAGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCAGAACAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
			(N= 미지의 염기)

[3162]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2125	YANG-2294	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEAKKPGAPVKFSGKTSGYNFTNYYMXCVRQAPEQGLXWMGIIKPSGGNTISAQKYQGRVTMTRDTSTN TVYMDQNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
			(X= 미지의 아미노산)
2126	YANG-2294	HCDR1	GYNFTNYY
2127	YANG-2294	HCDR2	IKPSGGNT
2128	YANG-2294	HCDR3	ARTGDRAFDV
2129	YANG-2294	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGGCTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2130	YANG-2294	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2131	YANG-2294	LCDR1	SSNIGNNY
2132	YANG-2294	LCDR2	DNN
2133	YANG-2294	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2134	YANG-2295	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAGTTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAATGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGGTCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2135	YANG-2295	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVRFSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLSSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS

[3163]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2136	YANG-2295	HCDR1	GYTFTSYY
2137	YANG-2295	HCDR2	IKPSGGNT
2138	YANG-2295	HCDR3	ARTGDRAFDV
2139	YANG-2295	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGTCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCTGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGCCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTATTGCGGAACATGGGACAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCCAGCTGACCGTCCTA
2140	YANG-2295	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAVPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYLQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSATSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTQLTVL
2141	YANG-2295	LCDR1	SSNIGNNF
2142	YANG-2295	LCDR2	DNN
2143	YANG-2295	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2144	YANG-2296	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGAATCTGAGATCTGAAGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGATCACCGTCTCTTCA
2145	YANG-2296	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMITVSS
2146	YANG-2296	HCDR1	GYTFTSYY
2147	YANG-2296	HCDR2	IKPSGGNT

[3164]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2148	YANG-2296	HCDR3	ARTGDRAFDV
2149	YANG-2296	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATTTTTGTATCCTGGTACCAACACAGTTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA		
2150	YANG-2296	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL		
2151	YANG-2296	LCDR1	SSNIGNNF		
2152	YANG-2296	LCDR2	DNN		
2153	YANG-2296	LCDR3	GTWDSSLGAGV		
2154	YANG-2297	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA		
2155	YANG-2297	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS		
2156	YANG-2297	HCDR1	GYTFTNYY		
2157	YANG-2297	HCDR2	IKPSGGNT		
2158	YANG-2297	HCDR3	ARTGDRAFDV		

[3165]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2159	YANG-2297	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2160	YANG-2297	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2161	YANG-2297	LCDR1	SSNIGNNY
2162	YANG-2297	LCDR2	DNN
2163	YANG-2297	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2164	YANG-2298	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGAAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGTAAGACATCTGG ATACACCTTCATCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAATACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2165	YANG-2298	VH 도메인 아미노산 서열	QMKLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFINYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2166	YANG-2298	HCDR1	GYTFINYY
2167	YANG-2298	HCDR2	IKPSGGNT
2168	YANG-2298	HCDR3	ARTGDRAFDV
2169	YANG-2298	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAA CTCCAACATTGGGAATAATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATCATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGCCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCGGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3166]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2170	YANG-2298	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSNSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNHKRPSGIPDRFSASKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSGLGAGVFGGGTKLTVL
2171	YANG-2298	LCDR1	NSNIGNNY
2172	YANG-2298	LCDR2	DNH
2173	YANG-2298	LCDR3	GTWDSGLGAGV
2174	YANG-2299	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAATTATTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAATGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAT ACAGTCTATATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2175	YANG-2299	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2176	YANG-2299	HCDR1	GYTFTNYY
2177	YANG-2299	HCDR2	IKPSGGNT
2178	YANG-2299	HCDR3	ARTGDRAFDV
2179	YANG-2299	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG TTCCAATATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCTGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCCAGCTGACCGTCCTA
2180	YANG-2299	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYLQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTQLTVL

[3167]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2181	YANG-2299	LCDR1	SSNIGNNF
2182	YANG-2299	LCDR2	DNN
2183	YANG-2299	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2184	YANG-2299a	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACATTGGTCACCGTCTCTTCA
2185	YANG-2299a	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYARKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTLVTVSS
2186	YANG-2299a	HCDR1	GYTFTSYY
2187	YANG-2299a	HCDR2	IKPSGGNT
2188	YANG-2299a	HCDR3	ARTGDRAFDV
2189	YANG-2299a	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAGTAATTATGTCTCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGCCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2190	YANG-2299a	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGSNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2191	YANG-2299a	LCDR1	SSNIGSNY
2192	YANG-2299a	LCDR2	DNN

[3168]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2193	YANG-2299a	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2194	YANG-2299b	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAAGTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2195	YANG-2299b	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSGDTAVYYCARSGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2196	YANG-2299b	HCDR1	GYTFTNYY
2197	YANG-2299b	HCDR2	IKPSGGNT
2198	YANG-2299b	HCDR3	ARSGDRAFDV
2199	YANG-2299b	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGAGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2200	YANG-2299b	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2201	YANG-2299b	LCDR1	SSNIGNNF
2202	YANG-2299b	LCDR2	DNN
2203	YANG-2299b	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3169]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2204	YANG-2299c	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGCTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCGAGTGGTGGTAATACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGA ACAGTCTACATGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAAGACTGGTGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTTA
2205	YANG-2299c	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVRLSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTR TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSL
2206	YANG-2299c	HCDR1	GYTFTNYY
2207	YANG-2299c	HCDR2	IKPSGGNT
2208	YANG-2299c	HCDR3	ARTGDRAFDV
2209	YANG-2299c	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGAATATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2210	YANG-2299c	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEAEYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2211	YANG-2299c	LCDR1	SSNIGNNF
2212	YANG-2299c	LCDR2	DNN
2213	YANG-2299c	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2214	YANG-2299d	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAAATTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTATTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAGTGGTCACCGTCTCTTCA

[3170]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2215	YANG-2299d	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTVVTVSS
2216	YANG-2299d	HCDR1	GYTFTNYY
2217	YANG-2299d	HCDR2	IKPSGGNT
2218	YANG-2299d	HCDR3	ARTGDRAFDV
2219	YANG-2299d	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATATATTATGTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGCCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGTTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2220	YANG-2299d	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLAIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGVGVFGGGTKLTVL
2221	YANG-2299d	LCDR1	SSNIGNNY
2222	YANG-2299d	LCDR2	DNN
2223	YANG-2299d	LCDR3	GTWDSSLGVGV
2224	YANG-2299e	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAGCTATTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGACCTGAGTAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2225	YANG-2299e	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTSYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS

[3171]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2226	YANG-2299e	HCDR1	GYTFTSYY
2227	YANG-2299e	HCDR2	IKPSGGNT
2228	YANG-2299e	HCDR3	ARTGDRAFDV
2229	YANG-2299e	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAC CTCCAACATTGGGAGTAATTATGTCTCCTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGCCCCTCAGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2230	YANG-2299e	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSTSNIGSNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2231	YANG-2299e	LCDR1	TSNIGSNY
2232	YANG-2299e	LCDR2	DNN
2233	YANG-2299e	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2234	YANG-2299f	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGGCAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA ACCTAGCGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGCGATAGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2235	YANG-2299f	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2236	YANG-2299f	HCDR1	GYTFTNYY
2237	YANG-2299f	HCDR2	IKPSGGNT

[3172]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2238	YANG-2299f	HCDR3	ARTGDRAFDV
2239	YANG-2299f	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2240	YANG-2299f	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2241	YANG-2299f	LCDR1	SSNIGNNF
2242	YANG-2299f	LCDR2	DNN
2243	YANG-2299f	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2244	YANG-2299g	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAACTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTGTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTGTACTTGGACCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2245	YANG-2299g	VH 도메인 아미노산 서열	QITQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TVYLDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2246	YANG-2299g	HCDR1	GYTFTNYY
2247	YANG-2299g	HCDR2	IKPSGGNT
2248	YANG-2299g	HCDR3	ARTGDRAFDV

[3173]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2249	YANG-2299g	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2250	YANG-2299g	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2251	YANG-2299g	LCDR1	SSNIGNNF
2252	YANG-2299g	LCDR2	DNN
2253	YANG-2299g	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2254	YANG-2299h	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAATTGCTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTAAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACAAAC ACAATCTATTTGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGGATAGGGC TTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2255	YANG-2299h	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLLQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLKWMGIIKPSGGNTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN TIYLDLSSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2256	YANG-2299h	HCDR1	GYTFTNYY
2257	YANG-2299h	HCDR2	IKPSGGNT
2258	YANG-2299h	HCDR3	ARTGDRAFDV
2259	YANG-2299h	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTATATGTTTCCTGGTATCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTATTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA

[3174]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2260	YANG-2299h	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2261	YANG-2299h	LCDR1	SSNIGNNY
2262	YANG-2299h	LCDR2	DNN
2263	YANG-2299h	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2264	YANG-2299i	VH 도메인 핵산 서열	CAGATGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAATTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATATATCA AACCTAGTGGTGGTAACACGATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTATATGGACCTGAGCAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTATATTATTGTGCGAGAACTGGGGATATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2265	YANG-2299i	VH 도메인 아미노산 서열	QMQLVQSGAEVKKPGASVKISCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2266	YANG-2299i	HCDR1	GYTFTNYY
2267	YANG-2299i	HCDR2	IKPSGGNT
2268	YANG-2299i	HCDR3	ARTGDRAFDV
2269	YANG-2299i	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAATATTGGAACTAATTCTCTTTCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGGTGACCGTCCTA
2270	YANG-2299i	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGTNSLSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKVTVL

[3175]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2271	YANG-2299i	LCDR1	SSNIGTNS
2272	YANG-2299i	LCDR2	DNN
2273	YANG-2299i	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2274	YANG-2299j	VH 도메인 핵산 서열	CAGATTCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCGGCTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGAATCTGAGACACGGCCGTCTATTATTGTGCGAGAACTGGAGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGACAATGGTCACCGTGTCTTCA
2275	YANG-2299j	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTGYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQKFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLNSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGHGTMVTVSS
2276	YANG-2299j	HCDR1	GYTFTGYY
2277	YANG-2299j	HCDR2	IKPSGGDT
2278	YANG-2299j	HCDR3	ARTGDRAFDV
2279	YANG-2299j	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAA CTCCAACATTGGGAATATATTATGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAACTGACCGTCCTA
2280	YANG-2299j	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSNSNIGNNYVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2281	YANG-2299j	LCDR1	NSNIGNNY
2282	YANG-2299j	LCDR2	DNN

[3176]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2283	YANG-2299j	LCDR3	GTWDSSLGAGV
2284	YANG-2299k	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATTACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTAACACAATCTACGCACAGAGTTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC ACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2285	YANG-2299k	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVKFSCKTSGYTFTNYYMVWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGNTIYAQSFQGRVTMTRDTSTN TVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2286	YANG-2299k	HCDR1	GYTFTNYY
2287	YANG-2299k	HCDR2	IKPSGGNT
2288	YANG-2299k	HCDR3	ARTGDRAFDV
2289	YANG-2299k	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAAGCAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTGCTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2290	YANG-2299k	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGAGVFGGGTKLTVL
2291	YANG-2299k	LCDR1	SSNIGNNF
2292	YANG-2299k	LCDR2	DNN
2293	YANG-2299k	LCDR3	GTWDSSLGAGV

[3177]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2294	YANG-22991	VH 도메인 핵산 서열	CAGATACAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGTTTTCCTGCAAGACATCTGG ATACACCTTCACCAACTACTATATGGTCTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGCATAATCA AACCTAGTGGTGGTGACACAATCTACGCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAAC TCAGTCTACATGGAGCTGAGGAGTCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTATTGTGCGAGAACTGGTGATAGGGC TTTTTGATGTCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA
2295	YANG-22991	VH 도메인 아미노산 서열	QIQLVQSGAEVKKPGASVRFSCKTSGYTFTNYYMWWVRQAPGQGLEWMGIIKPSGGDTIYAQNFQGRVTMTRDTSTN SVYMDLRSLRSEDTAVYYCARTGDRAFDVWGQGTMVTVSS
2296	YANG-22991	HCDR1	GYTFTNYY
2297	YANG-22991	HCDR2	IKPSGGDT
2298	YANG-22991	HCDR3	ARTGDRAFDV
2299	YANG-22991	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATCTCCTGCTCTGGAACGAG CTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACCAACACAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACA ATAATAAACGACCCTCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCATCACC GGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGCAGCCTGGGTACTGGGGTGTTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA
2300	YANG-22991	VL 도메인 아미노산 서열	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGRSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGISPDRFSGSKSGTSATLGIT GLQTGDEADYYCGTWDSSLGTGVFGGGTKLTVL
2301	YANG-22991	LCDR1	SSNIGNNF
2302	YANG-22991	LCDR2	DNN
2303	YANG-22991	LCDR3	GTWDSSLGTGV
2304	YANG-2301	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTCCACCTGATACAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGTTTCCGG ATACACCCTCATTGAAGTATCCGTGCACTGGGTGCGACAGGCTCCTGGAAAAGGGCTTGAGTGGATGGGAGGTTTTG ATCCTGAAGCAGCTGAAACAATCTACGCACAGAAATTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGAGGACACATCTACAGAC ACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAAATCTGAAGACTCGGCCGTATATTACTGTGCAATAGGACCAGCAGTGAC

[3178]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
			TGGTAGAAACTCCGGGGAATACTATTACTATTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCGCCT CA
2305	YANG-2301	VH 도메인 아미노산 서열	QVHLIQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLIEVSVHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEAAETIYAQKFQGRVTMTEDTSTD TAYMDLSSLKSEDSAVYYCAIGPAVTGRNSGEYYYYYGMDVWGQGTTVTVAS
2306	YANG-2301	HCDR1	GYTLIEVS
2307	YANG-2301	HCDR2	FDPEAAET
2308	YANG-2301	HCDR3	AIGPAVTGRNSGEYYYYYGMDV
2309	YANG-2301	VL 도메인 핵산 서열	GAAATAGTGATGACCCAGTCTCCAGCCACCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCTTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAACAGCAACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAGCCTGGCCAGGCCCCCAGGCTCCTCATCTATGCTGTAT CCACCAGGGCCACTGGTCTCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGTCTGAAGACTTTGTAGTTTATTACTGTCACCAGTATTATAATACTGGCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA GGTGGAGATCAAA
2310	YANG-2301	VL 도메인 아미노산 서열	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVNSNLAWYQQKPGQAPRLLIYAVSTRATGLPARFSGSGSGTEFTLTISS LQSEDFVVYYCHQYNNWPLTFGGGTKVEIK
2311	YANG-2301	LCDR1	QSVNSN
2312	YANG-2301	LCDR2	AVS
2313	YANG-2301	LCDR3	HQYNNWPLT
2314	YANG-2302	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTCCAACTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAGGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGTTTCCGG ATACACCCTCCCTGAATTAGCCATACACTGGGTGCGACAGGCGCCTGGAAAAGGGCTTGAGTGGATGGGGGGTTTTA TTCCTGAAGATGGTGACACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGAGGACACATCTACAGAC ACAGCCTACATGGACCTGAGCCTGAGATCTGAGGACGCGGCCGTGTATTACTGTACATCAGGCTGGGCAGCACC TGGATACAATTACGGAATGGCCGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

[3179]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2315	YANG-2302	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSCKVSGYTLPELAIHWVRQAPGKGLEWMGGFIPEDGDTIYAQKFQGRVTMTEDTSTD TAYMDLTSLRSEDAAVYYCTSGWAAPGYNYGMAVWGQGTTVTVSS
2316	YANG-2302	HCDR1	GYTLPELA
2317	YANG-2302	HCDR2	FIPEDGDT
2318	YANG-2302	HCDR3	TSGWAAPGYNYGMAV
2319	YANG-2302	VL 도메인 핵산 서열	GAAGTTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACTTTGTCTTTGTCTTCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTGTTAGCAGTAACTACTTAGCCTGGTACCAGAAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATTTATGGTG CATCCAGCAGGGTCACTGGCATCCCAGACAGGTTCGGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGC AGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTCAACAATATGATGCCTCACCGTACAGTTTTGGCCAGGGGAC CAAGCTGGACATCAAA
2320	YANG-2302	VL 도메인 아미노산 서열	EVVLTQSPGTLSLSSGERATLSCRASQSVSSNYLAWYQKKPGQAPRLLIYGASSRVTGIPDRFGGSGSGTDFTLTIS RLEPEDFAVYYCQQYDASPYSFGQGTKLDIK
2321	YANG-2302	LCDR1	QSVSSNY
2322	YANG-2302	LCDR2	GAS
2323	YANG-2302	LCDR3	QQYDASPYS
2324	YANG-2303	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTCCAGTTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAGGGTCTCCTGCAAGGTTTCCGG ATACACCCTCCCTGAATTAGCCATACACTGGGTGCGACAGGCTCCTGGAAAAGGGCTTGAGTGGATGGGAGGTTTTG ATCCTGAGGATGGTGAGACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGTAGAGTCATCATGACCGAGGACACATCCACAGAC ACAGCCTACATGGACCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGTGTAAAAACCTGGGCAGCGCC CGGATATAATTACGGTTTGGACACCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
2325	YANG-2303	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKKPGASVRVSCKVSGYTLPELAIHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVIMTEDTSTD TAYMDLSSLRSEDTAVYYCVKTWAAPGYNYGLDTWGQGTTVTVSS

[3180]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2326	YANG-2303	HCDR1	GYTLPELA
2327	YANG-2303	HCDR2	FDPEDGET
2328	YANG-2303	HCDR3	VKTWAAPGYNYGLDT
2329	YANG-2303	VL 도메인 핵산 서열	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCATCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGTGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAG TCAGAGTATTGCCAGCAACTACTTAGCCTGGTTCCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTG CATCCAGCAGGGCCGCTGGCTTCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAAG AGACTGGAGCCTGAAGATTCTGCAGTGTATTATTGTCAGCACTATGGTAGCTCACCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGAC CAACCTGGAGATCAAA
2330	YANG-2303	VL 도메인 아미노산 서열	EIVLTQSPGILSLSPGESATLSCRASQSIASNYLAWFQQKPGQAPRLLIYGASSRAAGFPDRFSGSGSGTDFTLTIK RLEPEDSAVYYCQHYGSSPCSFGQGTNLEIK
2331	YANG-2303	LCDR1	QSIASNY
2332	YANG-2303	LCDR2	GAS
2333	YANG-2303	LCDR3	QHYGSSPCS
2334	YANG-2304	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTCCAGCTGGTACAGTCTGGGACTGAAGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGTTTCCGG ATACACCCTCCCCTGAATTGGCCATTCACTGGGTGCGACAGGCTCCTGGAAAAGGGCTTGAGTGGATGGGAACTTTTG ATCCTGAAGATGGTGAAACAATCTCGCAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCGAGGACACATCTACAGAC ACAGCCTACATGGACCTGAGCAGCCTCAGATCTGAGGACACGGCCGTTTATTACTGTGCAACAAGTCGATTATAGC AGTCGGTGGTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
2335	YANG-2304	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGTEVKKPGASVKVSCKVSGYTLPELAIHWVRQAPGKGLEWMGTFDPEDGETICAQKFQGRVTMTEDTSTD TAYMDLSSLRSEDTAVYYCATTSIIAARWWFDPWGQGTLVTVSS
2336	YANG-2304	HCDR1	GYTLPELA
2337	YANG-2304	HCDR2	FDPEDGET

[3181]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2338	YANG-2304	HCDR3	ATTSIIAARWWFDP
2339	YANG-2304	VL 도메인 핵산 서열	CAATCTGCCCTGACTCAGCCTCCCTCCGCGTCCGGGTCTCCTGGACAGTCAGTCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTGGTTATGACTATGTCTCCTGGTACCAACACACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCAGTAAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGACCGTC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCAGTTCATTTGCAGGCAGCAACAATGTGGTTTTCGGCGG AGGGGCCAAGCTGACCGTCCTG
2340	YANG-2304	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPPSASGSPGQSVTISCTGTSSDVGGYDYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSKRPSGVPDRFSGSKSGNTASLTV SGLQAEDEADYYCSSFAGSNNVVFGGGAKLTVL
2341	YANG-2304	LCDR1	SSDVGGYDY
2342	YANG-2304	LCDR2	EVS
2343	YANG-2304	LCDR3	SSFAGSNNVV
2344	YANG-2305	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGG ATTCACCTTCAGTAGTTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAATTATTT GGTATGATGGAAGTAAGAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC ACGCTGAATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAAGAGGATATAGT ACGCTGAATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAAGAGGATATAGT GGCTTCGGGGGGGGCTCTATTACAACTTCAACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTTTCCTCA
2345	YANG-2305	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSKKYYADSVKGRFTISRDNSKN TLNLQMNSLRAEDTAVYYCAREEDIVASGGLIYNFNGMDVWGQGTTVTVSS
2346	YANG-2305	HCDR1	GFTFSSYG
2347	YANG-2305	HCDR2	IWYDGSKK
2348	YANG-2305	HCDR3	AREEDIVASGGLIYNFNGMDV

[3182]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2349	YANG-2305	VL 도메인 핵산 서열	TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAGCATCACCTGCTCTGGAGATAA ATTGGGGGATAAATATGCTTGCTGGTATCAGCAGAAGCCAGGCCAGTCCCCTGTGCTGGTCATCTATCAAGATAGCA AGCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGGAACACAGCCACTCTGACCATCAACGGGACC CAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTTCTGTCAGGCGTGGGACAGCACCACTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCT GACCGTCCTA
2350	YANG-2305	VL 도메인 아미노산 서열	SYELTQPPSVSVSPGQTASITCSGDKLGDKYACWYQQKPGQSPVLVIYQDSKRPSGIPERFSGSNSGNTATLTINGT QAMDEADYFCQAWDSTTVVFGGGTKLTVL
2351	YANG-2305	LCDR1	KLGDKY
2352	YANG-2305	LCDR2	QDS
2353	YANG-2305	LCDR3	QAWDSTTVV
2354	YANG-2306	VH 도메인 핵산 서열	CAGGTCCAGCTGGTACAATCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGTTTCCGG ATACACCCTCCCTGAAATATCCATACACTGGGTGCGACAGGCTCCTGGAAAAGGGCTTGAGTGGATGGGAGGTTTTG ATCCTGAAGATGGTGAAACAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTGATCATGACCGAGGACACATCTACAGAC ACAGCCTATATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGCTGGCCCCGGCTATAGC TTCAGCTTCAACCTTCTGGCTCGACCCCTGGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCACA
2355	YANG-2306	VH 도메인 아미노산 서열	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKVSGYTLPEISIHWVRQAPGKGLEWMGGFDPEDGETIYAQKFQGRVIMTEDTSTD TAYMDLSSLRSEDTAVYFCAAAPAIASASTFWLDPWGQGTLVTVST
2356	YANG-2306	HCDR1	GYTLPEIS
2357	YANG-2306	HCDR2	FDPEDGET
2358	YANG-2306	HCDR3	AAAPAIASASTFWLDP
2359	YANG-2306	VL 도메인 핵산 서열	CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTCCCTCCGCGTCCGGGTCTCCTGGACAGTCAGTCACCATCTCCTGCACTGGAACCAG CAGTGACGTTGGTGGTTATAACTATGTCTCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATG AGGTCACTAAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGACAACACGGCCTCCCTGACCGTC TCTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCAGTTCATATGCAGGCAGCAACAATTTGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTA

[3183]

[3184]

SEQ ID NO	클론 ID	설명	서열
2360	YANG-2306	VL 도메인 아미노산 서열	QSALTQPPSASGSPGQSVTISCTGTSSDVGGYNYVSWYQQHPGKAPKLMIYEVTKRPSGVPDRFSGSKSDNTASLTV SGLQAEDEADYYCSSYAGSNNLVFGGGTKLTVL
2361	YANG-2306	LCDR1	SSDVGGYNY
2362	YANG-2306	LCDR2	EVT
2363	YANG-2306	LCDR3	SSYAGSNNLV

[3185] 표 2 - 불변 영역 서열:

	인간 IgG1 불변 영역	IGHG1*01	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG1*01) 뉴클레오티드 서열	417
			ggcacagcgggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttccccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacc tacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagccc aaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaacctcctggggga ccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccct gaggtcacatgcgtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactgg tacgtggacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaac agcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaag gccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtg ctggactccgacggctccttctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtgg cagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacg cagaagagcctctccctgtctccgggtaaa	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG1*01) 뉴클레오티드 서열	
		IGHG1*02 또는 IGHG1*05	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG1*01) 단백질 서열 (P01857)	418
			ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGG PSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYN STYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDE LTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRW QQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG1*02 또는 IGHG1*05) 뉴클레오티드 서열	419
	인간 IgG1 불변 영역	IGHG1*02 또는 IGHG1*05	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG1*01) 단백질 서열 (P01857)	418
		IGHG1*01	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG1*01) 뉴클레오티드 서열	417

[3186]

[3187]

				cagcagggggaacgtcttctcatgctcccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacg
420	인간 중쇄 불변 영역 단백질 서열 (IGHG1*02)			A S T K G P S V F P L A P S S K S T S G G T A A L G C L V K D Y F P E P V T V S W N S G A L T S G V H T F P A V L Q S S G L Y S L S S V V T V P S S S L G T Q T Y I C N V N H K P S N T K V D K K V E P K S C D K T H T C P P C P A P E L L G G P S V F L F P P K P K D T L M I S R T P E V T C V V V D V S H E D P E V K F N W Y V D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y K C K V S N K A L P A P I E K T I S K A K G Q P R E P Q V Y T L P P S R E E M T K N Q V S L T C L V K G F Y P S D I A V E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K S L S L S P G K
421	IGHG1*03	인간 중쇄 불변 영역 뉴클레오티드 서열 (IGHG1*03) (Y14737)	gcctccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggg ggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacc tacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagagagttgagccc aaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaacctcctggggga ccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccct gaggtcacatgcgtggtggtgacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactgg tacgtggacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaac agcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaag gagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctcc aaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggaggag atgaccaagaaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctatcccagcgacatc gccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtg ctggactccgacggctccttcttcctctatagcaagctcaccgtggacaagagcaggtgg cagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacg cagaagagcctctccctgtctccgggtaaa	A S T K G P S V F P L A P S S K S T S G G T A A L G C L V K D Y F P E P V T V S W N S G A L T S G V H T F P A V L Q S S G L Y S L S S V V T V P S S S L G T Q T Y I C N V N H K P S N T K V D K R V E P K S C D K T H T C P P C P A P E L L G G P S V F L F P P K P K D T L M I S R T P E V T C V V V D V S H E D P E V K F N W Y V D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y K C K V S N K A L P A P I E K T I S K A K G Q P R E P Q V Y T L P P S R E E M T K N Q V S L T C L V K G F Y P S D I A V E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K S L S L S P G K
422	인간 중쇄 불변 영역 단백질 서열 (IGHG1*03)			

423	인간 IgG1 불변 영역	IGHG1*04	인간 중쇄 불변 영역 뉴클레오티드 서열 (IGHG1*04)	gcctccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctggggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtacgtggacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggatgagctgaccaagaaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctatcccagcgacatccgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggtaaa	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNIFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	gcctccaccaagggcccatcggtcttccccctggcaccctcctccaagagcacctctgggggcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatcttgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctggggggaccgtcagtcttcctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggtcacatgcgtggtggtggacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagttcaactggtacgtggacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaatggcaaggagtacaagtgcaaggtctccaacaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggatgagctgaccaagaaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctatcccagcgacatccgccgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctccttcttcctctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggtaaa

[3188]

426			불능화 인간 IGHG1*01 중쇄 불변 영역 아미노산 서열. 야생형 서열과 상이한 2개의 잔기는 **볼드체**로 확인된다.	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELL**A**GA PSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYN STYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDE LTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRW QQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
427	인간 IgG2 불변 영역	IGHG2*01 또는 IGHG2*04 또는 IGHG2*05	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*01 또는 IGHG2*03 또는 IGHG2*05) 뉴클레오티드 서열	gcctccaccaagggcccatcggtcttccccctggcgccctgctccaggagcacctccgag agcacagccgcccttgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccagctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcaacttcggcacccagacc tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaagGtggacaagagacagttgagcc aaatgttgtgtcgagtgcccaccgtgcccagcaccacctgtggcaggaccgtcagtcttc ctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggtcacgtgc gtggtggtggacgtgagccacgaagaccccgaggtccagttcaactggtacgtggacggc gtggaggtgcataatgccaagacaaagccacgggaggagcagttcaacagcacgttccgt gtggtcagcgtcctcaccgttgtgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaagtgc aaggtctccaacaaaggcctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaaaccaaaggg cagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggaggagatgaccaagaac caggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctaccccagcgacatcgccgtggagtgg gagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacacctcccatgctggactccgac ggctccttcttcctctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaac gtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctc tccctgtctccgggtaaa
428			인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*01) 단백질 서열	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSNFGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVEPCPPCPAPPVAGPSVF LFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFR VVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKN QVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
429	인간 IgG2 불변 영역	IGHG2*02	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*02) 뉴클레오티드 서열	GCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCGCCCTGCTCCAGGAGCACCTCCGAG AGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCG TGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCA GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAACTTCGGCACCCAGACC TACACCTGCAACGTAGATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGACAGTTGAGCGC AAATGTTGTGTCGAGTGCCCACCGTGCCCAGCACCACCTGTGGCAGGACCGTCAGTCTTC CTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACGTGC GTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCCGAGGTCCAGTTCAACTGGTACGTGGACGGC ATGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCACGGGAGGAGCAGTTCAACAGCACGTTCCGT GTGGTCAGCGTCCTCACCGTCGTGCACCAGGACTGGCTGAACGGCAAGGAGTACAAGTGC AAGGTCTCCAACAAAGGCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAACCAAAGGG CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAAC

[3189]

				CAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTACCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACACCTCCCATGCTGGACTCCGAC GGCTCCTTCTTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACACAGAAGAGCCTC
430			인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*02) 단백질 서열	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVTSSNFGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVECPPCPAPPVAGPSVF LFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFNWYVDGMEVHNAKTKPREEQFNSTFR VVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKN QVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN TCCCTGTCTCCGGGTAAA
431	IGHG2*04	인간 IgG2 불변 영역	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*04) 뉴클레오티드 서열	gcctccaccaagggcccatcggtcttccccctggcgccctgctccaggagcacctccgag agcacagcggccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg tggaactcaggcgctctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacccagacc tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagacagttgagcgc aaatgttgtgtcgagtgcccaccgtgcccagcaccacctgtggcaggaccgtcagtcttc ctcttccccccaaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacccctgaggtcacgtgc gtggtggtggacgtgagccacgaagaccccgaggtccagttcaactggtacgtggacggc gtggaggtgcataatgccaagacaaagccacgggaggagcagttcaacagcacgttccgt gtggtcagcgtcctcaccgttgtgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaagtgc aaggtctccaacaaagccctcccagcccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaaggg cagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggaggagatgaccaagaac caggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctaccccagcgacatcgccgtggagtgg gagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgac ggctccttcttcctctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaac gtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctc tccctgtctccgggtaaa	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVEPPCPAPPVAGPSVF LFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFR VVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKN QVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
432	IGHG2*06		인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*04) 단백질 서열	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVEPPCPAPPVAGPSVF LFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFR VVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKN QVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
433		인간 IgG2 불변 영역	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*06) 뉴클레오티드 서열	GCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCGCCCTGCTCCAGGAGCACCTCCGAG AGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCG TGGAACTCAGGCGCTCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCA GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAACTTCGGCACCCAGACC TACACCTGCAACGTAGATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGACAGTTGAGCGC AAATGTTGTGTCGAGTGCCCACCGTGCCCAGCACCACCTGTGGCAGGACCGTCAGTCTTC CTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACGTGC

[3190]

			GTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCCGAGGTCCAGTTCAACTGGTACGTGGACGGC	
			GTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCACGGGAGGAGCAGTTCAACAGCACGTTCCGT	
			GTGGTCAGCGTCCTCACCGTCGTGCACCAGGACTGGCTGAACGGCAAGGAGTACAAGTGC	
			AAGGTCTCCAACAAAGGCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAACCAAAGGG	
			CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAAC	
			CAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTACCCCAGCGACATCTCCGTGGAGTGG	
			GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACACCTCCCATGCTGGACTCCGAC	
			GGCTCCTTCTTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC	
			GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACACAGAAGAGCCTC	
434			TCCCTGTCTCCGGGTAAA	
		인간 중쇄 불변 영역 (IGHG2*06) 단백질 서열	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS	
			GLYSLSSVVTVPSSNFGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVECPPCPAPPVAGPSVF	
			LFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFR	
			VVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSRDELTKN	
			QVSLTCLVKGFYPSDISVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN	
435	인간 IgG4 불변 영역	IGHG4*01 또는 IGHG4*04	VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK	
		인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4*01 또는 IGHG4*04) 뉴클레오티드 서열	gcttccaccaagggcccatccgtcttccccctggcgccctgctccaggagcacctccgag	
			agcacagccgccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg	
			tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca	
			ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacgaagacc	
			tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagagagttgagtcc	
			aaatatggtcccccatgcccatcatgcccagcacctgaggccgggggaccatcagtc	
			ttcctgtttccccccaaaacccaaggacactctcatgatctcccggacccctgaggtcacg	
			tgcgtggtggtggacgtgagccaggaagaccccgaggtccagttcaactggtacgtggat	
			ggcgtgaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagttcaacagcacgtac	
			cgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaag	
			tgcaaggtctccaacaaaggcctcccgtcctccatcgagaaaaccatctccaaagccaaa	
			gggcagccccgagagccacaggtgtacaccctgcccccatcccaggaggagatgaccaag	
			aaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctacccccagcgacatcgccgtggag	
			tgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactcc	
			gacggctccttcttcctctacagcaggctaaccgtggacaagagcaggtggcaggaggga	
			aatgtctctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacacagaagagcc	
436		인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4*01) 단백질 서열 (P01861)	ctctccctgtctctcctgggtaaa	
			ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS	
			GLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPSCPAPEFLGGPSV	
			FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTY	
			RVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTK	
			NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEG	
			NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK	

[3191]

437	인간 IgG4 불변 영역	IGHG4*02	인간 중쇄 불변 영역 뉴클레오티드 서열 (IGHG4*02)	gcttccaccaagggcccatccgtctttccccctggcgccctgctccaggagcacctccgag agcacagccgcctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacgaagacc tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagagagttggagtcc aaatatggtccccccgtgcccatcatgcccagcacctgagttcctgggggggaccatcagtc ttcctgttccccccaaaacccaaggacactctcatgatctcccggacccctgaggtcacg tgcgtggtggtggacgtgagccaggaagaccccgaggttcagttcaactggtacgtggat ggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagttcaacagcacgtac cgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaag tgcaaggtctccaacaaaggcctcccgtcctccatcgagaaaaccatctccaaagccaaa gggcagccccgagagccacaggtgtacaccctgcccccatcccaggaggagatgaccaag aaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctacccctccgacatcgccgtggag tgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactcc gacggctccttcttcctctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtggcaggaggggg aatgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagc ctctccctgtctctgggtaaa	인간 중쇄 불변 영역 뉴클레오티드 서열
438			인간 중쇄 불변 영역 단백질 서열 (IGHG4*02)	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPSCPAPEFLGGPSV FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTY RVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTK NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEG NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK	
439	인간 IgG4 불변 영역	IGHG4*03	인간 중쇄 불변 영역 뉴클레오티드 서열 (IGHG4*03)	gcttccaccaagggcccatccgtcttccccctggcgccctgctccaggagcacctccgag agcacagccgcctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccggtgacggtgtcg tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacgaagacc tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagtcc aaatatggtccccccgtgcccatcatgcccagcacctgagttcctgggggggaccatcagtc ttcctgttccccccaaaacccaaggacactctcatgatctcccggacccctgaggtcacg tgcgtggtggtggacgtgagccaggaagaccccgaggttcagttcaactggtacgtggat ggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccacgggaggagcagttcaacagcacgtac cgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaag tgcaaggtctccaacaaaggcctcccgtcctccatcgagaaaaccatctccaaagccaaa gggcagccccgagaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggaggagatgaccaag aaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggag tgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactcc gacggctccttcttcctctacagcaagctcaccgtggacaagagcaggtggcaggagggg aacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagc ctctccctgtctctgggtaaa	인간 중쇄 불변 영역 뉴클레오티드 서열 (IGHG4*03)

[3192]

440				
	인간 IgG4-PE 불변 영역	IGHG4-PE	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4*03) 단백질 서열	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPSCPAPEFLGGPSV FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTY RVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTK NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQEG NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK
441	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 뉴클레오티드 서열 버전 A			gcctccaccaagggcccatccgtcttccccctggcgccctgctccagggagcacctccgag agcacggccgccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccagtgacggtgtcg tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacgaagacc tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagagagttgagtcc aaatatggtccccccatgcccaccatgcccagcacctgaatttgaggggccatcagtc ttcctgttccccccaaaacccaaggacactcttatgatctcccggacccctgaggtcacg tgcgtggtggtggacgtgagccaggaagaccccgaggtccagttcaactggtacgtggat ggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagttcaacagcacgtac cgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaag tgcaaggtctccaacaaaggcctcccgtcatcgatcgagaaaaccatctccaaagccaaa gggcagccccgagagccacaggtgtacaccctgcccccatcccaggaggagatgaccaag aaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctacccccagcgacatcgccgtggag tgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactcc gacggatccttcttcctctacagcaggctaaccgtggacaagagcaggtggcaggaggggc aatgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacacagaagagc ctctccctgtctctgggtaaa
442	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 뉴클레오티드 서열 버전 B			gcctccaccaagggcccatccgtcttccccctggcgccctgttccaggtccacaagcgag tccaccgctgcctcggctgtctggtgaaagactactttccccgagccgtgaccgtctcc tggaatagcggagccctgaccttcggcgtgcacacatttcccgccgtgctgcagagcagc ggactgtatagcctgagcagcgtggtgaccgtgccctccagcctcggcacccaaaacc tacacctgcaacgtggaccacaagcctccaacaccaaggtggacaagcgggtgagagc aagtacggcccccctttgcccctgagttcgagggaggaccctccgtg ttcctgtttccccccaaacccaaggacaccctcatgatctcccggacacccgaggtgacc tgtgtggtcgtggacgtcagccaggaggaccccgaggtccagttcaactggtatgtggac ggcgtggaggtgcacaatgccaaaacaaagccccgaggaggagcagttcaattccacctac agggtggtgagcgtgctgaccgtcctgcatcaggattggctgaacggcaaggagtacaag tgcaaggtctccaacaaaggcctcccatcgaagaaaccatctccaaagccaaagggcag tgcgaaccacaggtgtacaccctgcccccatcccaggaggagatgaccaagaaccaggtc agcctgacctgcctggtcaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtggagtgggagagc aatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactccgacggctcc ttcttcctctacagcaggctaaccgtggacaagagcaggtggcaggaggggcaatgtc ttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagc aacgtgttctcctgttccgtgatgcacgaggccctgcacaatcactacacccagaagagc ctctccctgtctccctgggcaag

[3193]

443	인간 IgG4-PE 불변 영역 불활성화 인간 IgG4 불변 영역	IGHG4-PE 불활성화 IGHG4	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 뉴클레오티드 서열	gccagcaccaagggcccttccgtgttccccctgcgccctgcagcaggaggcacctccgaa
			버전 C	tccacagctgccctgggctgtctggtcaaggactacttccccgaaccagtgacggtgtcg
				tggaacagcggcgctctgacatccggcgtccacaccttcctgcgtcctgcagtcctcc
				ggcctctactccctgtcctccgtggtgaccgtgccctagctccctcggcaccaagacc
				tacacctgtaacgtggaccacaaacctccaacaccaaggtggacaaacgggtcgagagc
				aagtacggccctccctgcccctcctttgtcctgccccgagttcgaaggccggaccgcgtg
				ttcctgttccctcctaagcccaaggacaccctcatgatagcccggacccgaggtgacc
				tgcgtggtggtggatgtgagccaggaggaccctgaggtccagttcaactggtatgtggat
				ggcgtggaggtgcacaacgccaagacaaagccccgggaagagcagttcaacctccacctac
				agggtggtcagcgtgctgaccgtgctgcatcaggactggctgaacggcaaggagtacaag
				tgcaaggtcagcaataagggactgcccagcagcatcgagaagaccatctccaaggctaaa
				ggccagccccgaaccacaggtgtacaccctgcctccagccaggaggagatgaccaag
				aaccaggtgagcctgacctgcctggtgaaaggattctaccctccgacatcgccgtggag
				tgggagtccaacgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggact
				gacggatccttcttcctctacagcaggctaaccgtggacaagagcaggtggcaggaggg
				aatgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacacagaagagc
				ctctccctgtctctgggtaaa
444	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 단백질 서열 (아미노산 치환은 **볼드체**로 제시됨)	IGHG4-PE 불활성화 IGHG4	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 뉴클레오티드 서열	ctgagcctgtccctgggaaag
				ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
				GLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCP**E**CPAPEF**E**GGPSV
				FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTY
				RVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTK
				NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEG
445	불활성화 인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4) 뉴클레오티드 서열			NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK
				gcctccaccaagggcccatccgtcttccccctggcgccctgctccaggagcacctcccgag
				agcacggccgccctgggctgcctggtcaaggactacttccccgaaccagtgacggtgtcg
				tggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttcccggctgtcctacagtcctca
				ggactctactccctcagcagcgtggtgaccgtgccctccagcagcttgggcacgaagacc
				tacacctgcaacgtagatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagagagttgagtcc
				aaatatggtcccccatgcccaccatgcccagcacctgagttgcggggggaccatcagtc
				ttcctgttccccccaaaacccaaggacactcttatgatctcccggacccctgaggtcacg
				tgcgtggtggtggacgtgagccaggaagaccccgaggtccagttcaactggtacgtggat
				ggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgcgggaggagcagttcaacagcacgtac
				cgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgcaccaggactggctgaacggcaaggagtacaag
				tgcaaggtctccaacaaaggcctcccgtcatcgatcgagaaaaccatctccaaagccaaa
				gggcagccccgagagccacaggtgtacaccctgcccccatcccgggaggagatgaccaag
				aaccaggtcagcctgacctgcctggtcaaaggcttctacccccgacatcgccgtggag
				tgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgcctcccgtgctggactcc
				gacggatccttcttcctctacagcaggctaaccgtggacaagagcaggtggcaggaggg
				aatgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacacagaagagc
				ctctccctgtctctgggtaaa

[3194]

446		불활성화 인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4) 단백질 서열 (인간 IgG4로부터의 불활성화 돌연변이는 **볼드체**로 제시됨)	ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCP**P**CPAP**PVA**GGPSV FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTY RVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTK NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEG NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK
447	인간 Ck 불변 영역	IGKC*01	인간 Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*01) 뉴클레오티드 서열	cgtacggtggccgctcccctccgtgttcatcttcccacctccgacgagctgaagtcc ggcaccgcttctgtcgtgtgcctgctgaacaacttctaccccgcgaggccaaggtgcag tggaaggtggacaacgccctgcagtccggcaactcccaggaatccgtgaccgagcaggac tccaaggacagcacctactccctgtcctccaccctgaccctgtccaaggccgactacgag aagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgacccaccagggcctgtctagcccctgtgaccaag tctttcaaccggggcgagtgt
448			Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*01) 아미노산 서열	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQD SKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
449	인간 Ck 불변 영역	IGKC*02	Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*02) 뉴클레오티드 서열	cgaactgtggctgcaccatctgtcttcatcttcccgccatctgatgagcagttgaaatct ggaactgcctctgttgtgtgcctgctgaataacttctatcccagaggccaaagtacag tggaaggtggataacgccctccaatcgggtaactcccaggagagtgtcacagagcaggac agcaaggacagcacctacagcctcagcagcaccctgacgctgagcaaagcagactacgag aaacacaaagtctacgcctgcgaagtcacccatcagggcctgagctcgcccgtcacaaag agcttcaacaggggagagtgt
450			Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*02) 아미노산 서열	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQE SKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYAGEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
451	인간 Ck 불변 영역	IGKC*03	Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*03) 뉴클레오티드 서열	cgaactgtggctgcaccatctgtcttcatcttcccgccatctgatgagcagttgaaatct ggaactgcctctgttgtgtgcctgctgaataacttctatcccagaggccaaagtacag cggaaggtggataacgccctccaatcgggtaactcccaggagagtgtcacagagcaggag agcaaggacagcacctacagcctcagcagcaccctgacgctgagcaaagcagactacgag aaacacaaagtctacgcctgcgaagtcacccatcagggcctgagctcgcccgtcacaaag agcttcaacaggggagagtgt
452			Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*03) 아미노산 서열	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQRKVDNALQSGNSQESVTEQE SKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
453	인간 Ck 불변 영역	IGKC*04	Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*04) 뉴클레오티드 서열	cgaactgtggctgcaccatctgtcttcatcttcccgccatctgatgagcagttgaaatct ggaactgcctctgttgtgtgcctgctgaataacttctatcccagaggccaaagtacag tggaaggtggataacgccctccaatcgggtaactcccaggagagtgtcacagagcaggac agcaaggacagcacctacagcctcagcagcaccctgacgctgagcaaagcagactacgag aaacacaaactctacgcctgcgaagtcacccatcagggcctgagctcgcccgtcacaaag agcttcaacaggggagagtgt
454			Ck 경쇄 불변 영역 (IGKC*04) 아미노산 서열	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQD SKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKLYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

[3195]

455	인간 Cκ 불변 영역	IGKC*05	Cκ 경쇄 불변 영역 (IGKC*05) 뉴클레오티드 서열	cgaactgtggctgcaccatctgtcttcatcttcccgccatctgatgagcagttgaaatct ggaactgcctctgttgtgtgcctgctgaataacttctatcccagaggagccaaagtacag tggaaggtggataacgccctccaatcgggtaactcccaggagagtgtcacagagcaggac agcaaggacagcacctacagcctcagcaacaccctgacgctgagcaaagcagactacgag aaacacaaagtctacgcctgcgaagtcacccatcagggcctgagctcgcccgtcacaaag
456			Cκ 경쇄 불변 영역 (IGKC*05) 아미노산 서열	RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQD SKDSTYSLSNTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC agcttcaacaggggagagtgc
457	인간 Cλ 불변 영역	IGLC1*01	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*01) 뉴클레오티드 서열 (ENST00000390321.2)	cccaaggccaaccccacggtcactctgttcccgccctcctctgaggagctccaagccaac aaggccacactagtgtgtctgatcagtgacttctacccgggagctgtgacagtggcttgg aaggcagatggcagccccgtcaaggcgggagtggagacgaccaaacccctccaaacagagc aacaacaagtacgcggccagcagctacctgagcctgacgcccgagcagtggaagtcccac agaagctacagctgcccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaggaagacaagtggcccct acagaatgttca
458			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*01) 아미노산 서열 (A0A075B6K8)	PKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSKQS NNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
459	인간 Cλ 불변 영역	IGLC1*02	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*02) 뉴클레오티드 서열 버전 A	ggtcagcccaaggccaaccccactgtcactctgttcccgccctcctctgaggagctccaa gccaacaaggccacactagtgtgtctgatcagtgacttctacccgggagctgtgacagtg gcctggaaggcagatggcagccccgtcaaggcgggagtggagaccacccaaaccctccaaa cagagcaacaacaagtacgcggccagcagctacctgagcctgacgcccgagcagtggaag tcccacagaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaggaagacaagtg gccctacagaatgttca
460			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*02) 뉴클레오티드 서열 버전 B	ggtcagcccaaggccaaccccactgtcactctgttcccgccctcctctgaggagctccaa gccaacaaggccacactagtgtgtctgatcagtgacttctacccgggagctgtgacagtg gcctggaaggcagatggcagccccgtcaaggcgggagtggagaccacccaaaccctccaaa cagagcaacaacaagtacgcggccagcagctacctgagcctgacgcccgagcagtggaag tcccacagaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaggaagacaagtg gccctacagaatgttca
461	인간 Cλ 불변 영역	IGLC1*02 IGLC2*01	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*02) 아미노산 서열	GQPKANPTVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADGSPVKAGVETTKPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
462	인간 Cλ 불변 영역		Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC2*01) 뉴클레오티드 서열 버전 A	ggccagcctaaggccgtctccttctgtgaccctgttccccccatcctccgaggaactgcag gctaacaaggccacccttcgtgtgcctgatcagcgacttttacccttggcgccgtgaccgtg gcctggaaggctgatagcttccctgtgaaggccggcgtggaaaccaccacccctccaag cagtccaacaacaaatacgccgcctcctcctacctgtccctgacgcctgagcagtggaag tcccaccggtcctacagctgccaagtgacccacgagggctcccaccgtggaaaagaccgtg gctcctaccgagtgctcc

[3196]

463		Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC2*01) 뉴클레오티드 서열 버전 B	ggccagcctaaagctgccccaagcgtcaccctgtttcctccctccagcgaggagctccag gccaacaaggccaccctcgtgtgcctgatctccgacttctatcccggcgctgtgaccgtg gcttggaaagccgactccagccctgtcaaagccggcgtggagaccaccacaccctccaag cagtccaacaacaagtacgccgcctccagcctatctccctgacccctgagcagtggaag tcccaccggtcctacttcctgtcaggtgacccacgagggctccacccgtggaaaagaccgtc gccccaccgagtgctcc
464	인간 Cλ 불변 영역	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*02) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
465	인간 Cλ 불변 영역	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC2*02 또는 IGLC2*03) 뉴클레오티드 서열	ggtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccgccctcctctgaggagcttcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggagccgtgacagtg gcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagtggagaccaccacaccctccaaa caaagcaacaacaagtacgcggccagcagctatctgagcctgacgcctgagcagtggaag tcccacagaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaagaagacagtg gccctacagaatgttca
467		Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC2*02) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
468	인간 Cλ 불변 영역	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*01) 뉴클레오티드 서열	cccaaggctgccccctcggtcactctgttcccacccctcctctgaggagcttcaaagccaac aaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggagccgtgacagttggcctgg aaggcagatagcaggcccgtcaaggcgggggtggagaccaccacaccctccaaacaaagc aacaacaagtacgcggccagcagctacctgagcctgacgcctggaagtcccac aaaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaagaaagacagttgccct acggaatgttca
469		Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*01) 아미노산 서열	PKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQS NNKYAASSYLSLTPEQWKSHKSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
470	인간 Cλ 불변 영역	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*02) 뉴클레오티드 서열	ggtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccacccctcctctgaggagcttcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggccagtgacagtt gcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggggtggagaccaccacaccctccaaa caaagcaacaacaagtacgcggccagcagctacctgagcctgacgcctgaagcagtggaag tcccacaaaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaagaagacagtg gccctacgaatgttca
471		Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC1*02) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGPVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHKSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
472	인간 Cλ 불변 영역	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*03) 뉴클레오티드 서열	ggtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccacccctcctctgaggagcttcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggagccgtgacagtg gcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagtggagaccaccacaccctccaaa caaagcaacaacaaatacgcggccagcagctacctgagcctgacgcctgaagcagtggaag tcccacagaaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggaagaaagacagtg gccctacagaatgttca

[3197]

473			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*03) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHKSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
474	인간 Cλ 불변 영역	IGLC3*04	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*04) 뉴클레오티드 서열	ggtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccgccctcctctgaggagcttcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggagccgtgacagtg gcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagtggagaccaccacaccctccaaa caaagcaacaacaagtacggccagcagctacctgagcctgacgcctgagcagtggaag tcccacagaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacagtg gcccctacagaatgttca
475			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC3*04) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
476	인간 Cλ 불변 영역	IGLC6*01	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC6*01) 뉴클레오티드 서열	ggtcagcccaaggctgccccatcggtcactctgttcccgccctcctctgaggagcttcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggagctgtgtgaaagtg gcctggaaggcagatggcagccccgtcaacacgggagtggagaccaccacaccctccaaa cagagcaacaacaagtacggccagctacctgagcctgacgcctgagcagtggaag tcccacagaagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacagtg gcccctgcagaatgttca
477			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC6*01) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVRVAWKADGSPVNTGVETTTPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPAECS
478	인간 Cλ 불변 영역	IGLC7*01 또는 IGLC7*02	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC7*01 또는 IGLC7*02) 뉴클레오티드 서열	ggtcagcccaaggctgccccatcggtcactcttgttcccaccctcctctgaggagcttcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcgtaagtgacttctacccgggagccgtgacagtg gcctggaaggcagatggcagccccgtcaagtcgggagtggagaccaccaaacccctccaaa caaagcaacaacaagtatgcggccagcagctacctgagcctgacgcccgagcagtggaag tcccacagaagctacagctgccggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacaagtg gcccctgcagaatgtct
479			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC7*01) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLVSDFYPGAVTVAWKADGSPVKVGVETTKPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCRVTHEGSTVEKTVAPAECS
480	인간 Cλ 불변 영역	IGLC7*03	Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC7*03) 뉴클레오티드 서열	GGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCTCCTCTGAGGAGCTTCAA GCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAGTG GCCTGGAAGGCAGATGGCAGCCCCGTCAAGGTGGGAGTGGAGACCACCAAACCCTCCAAA CAAAGCAACAACAAGTATGCGGCCAGCAGCTACCTGAGCCTGACGCCCGAGCAGTGGAAG TCCCACAGAAGCTACAGCTGCCGGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGACAGTG GCCCCTGCAGAATGCTCT
481			Cλ 경쇄 불변 영역 (IGLC7*03) 아미노산 서열	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLVSDFNPGAVTVAWKADGSPVKVGVETTKPSK QSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHRSYSCRVTHEGSTVEKTVAPAECS
482	인간 IgG4-PE 불변 영역 인간 IgG4-PE 불변 영역	IGHG4-PE IGHG4-PE	인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 뉴클레오티드 서열 (리신 클리핑됨)	GCTTCTACCAAGGGACCCAGCGTGTTCCCTCTGGCTCCTTGCTCCAGATCCACCTCCGAG TCTACAGCTGCTCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTTCCTGAGCCTGTGACCGTGTCT TGGAACTCTGGCGCTCTGACATCTGCGCTGCACACATTCCCTGCTGTCCTACAGTCCTCC GGCCTGTACTCTCTGTCCTCTCGTCGACCGTGCCTTCCTCTACAGCCTGGCACCAAGACC TACACCTGTAATGTGGACCACAAGCCTTCCAACACCAAGGTGGACAAGCGCGTGGAATCT

[3198]

				AAGTACGGCCCTCCTCCTTGTCCTCCATGTCCTGCTCCAGAGTTTGAAGCGGCCCTTCCGTG
				TTTCTCGTTCCCTCCAAAGCCTAAGGACACCCTGATGATCTCTCGGACCCCTGAAGTGACC
				TGCGTGGTGGTGGATGTGTCCCAAGAGGATCCCCGAGGTGCAGTTCAATTGGTACGTGGAC
				GGCGTGGAAGTGCACAACGCCAAGACCAAGCCTAGAGAGGAACAGTTCAACTCCACCTAC
				AGAGTGGTGTCCGTGCTGACCGTGCTGCACCAGGATTGGCTGAACGGCAAAGAGTACAAG
				TGCAAGGTGTCCAACAAGGGCCTGCCTAGCTCCATCGAAAAGACCATCTCCAAGGCCAAG
				GGCCAGCCTCGAGAACCCCAGGTTTACACCCTGCCTCCCAAGCCAAGAGGAAATGACCAAG
				AACCAGGTGTCCCTGACCTGCCTCGTGAAGGGATTCTACCCCTCCGATATCGCCGTGGAA
				TGGGAGTCTAATGGCCAGCCAGAGAACAACTACAAGACAACCCCCCTGTGCTGGACTCC
				GACGGCTCCTTCTTTCTGTATTCCGCCTGACCGTGGACAAGTCCAGATGGCAAGAGGGC
				AACGTGTTCTCCTGCAGCGTGATGCACGAGGCCCTGCACAATCACTACACCCAGAAGTCC
				CTGTCTCTGTCCCTGGGC
483		인간 중쇄 불변 영역 (IGHG4-PE) 단백질 서열 (리신 클리핑됨)		ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
				GLYSLSSVVTVPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPCPAPEFEGGPSV
				FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTY
				RVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTK
				NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEG
				NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLG
484	인간 IGHA1 불변 영역			ASPTSPKVFPLSLCSTQPDGNVVIACLVQGFFPQEPLSVTWSESGQGVTARNFP
				PSQDASGDLYTTSSQLTLPATQCLAGKSVTCHVKHYTNPSQDVTVPCPVPSTPP
				TPSPSTPPTPSPSCCHPRLSLHRPALEDLLLGSEANLTCTLTGLRDASGVTFTW
				TPSSGKSAVQGPPERDLCGCYSVSSVLPGCAEPWNHGKTFTCTAAYPESKTPLT
				ATLSKSGNTFRPEVHLLPPPSEELALNELVTLTCLARGFSPKDVLVRWLQGSQE
				LPREKYLTWASRQEPSQGTTTFAVTSILRVAAEDWKKGDTFSCMVGHEALPLAF
				TQKTIDRLAGKPTHVNVSVVMAEVDGTCY
485	인간 IGHA2 불변 영역			ASPTSPKVFPLSLDSTPQDGNVVVACLVQGFFPQEPLSVTWSESGQNVTARNFPPSQDAS
				GDLYTTSSQLTLPATQCPDGKSVTCHVKHYTNSSQDVTVPCRVPPPPPCCHPRLSLHRPA
				LEDLLLGSEANLTCTLTGLRDASGATFTWTPSSGKSAVQGPPERDLCGCYSVSSVLPGCA
				QPWNHGETFTCTAAHPELKTPLTANITKSGNTFRPEVHLLPPPSEELALNELVTLTCLAR
				GFSPKDVLVRWLQGSQELPREKYLTWASRQEPSQGTTTYAVTSILRVAAEDWKKGETFSC
				MVGHEALPLAFTQKTIDRMAGKPTHINVSVVMAEADGTCY

[3199]

[3200] 하기 표 3은 상기 표 1a 및 1b에 제시된 각각의 항체에 상응하는 중쇄 및 경쇄 v 및 j 유전자 절편을 보여준다.

[3201]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
IMPI-001	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-002	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ4*01
IMPI-003	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1-6*01	IGKJ1*01
IMPI-004	IGHV3-33*01	IGHJ6*02	IGKV3-20*01	IGKJ4*01
IMPI-005	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ5*01
IMPI-006	IGHV4-39*01	IGHJ6*02	IGKV1D-16*01	IGKJ4*01
IMPI-007	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-008	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-009	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-010	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-011	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-012	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ4*01
IMPI-013	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1-6*01	IGKJ1*01
IMPI-014	IGHV4-31*03	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-015	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-016	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01

[3202]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
IMPI-017	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ1*01
IMPI-018	IGHV4-31*03	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-019	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-020	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-021	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ2*04
IMPI-022	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-023	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-024	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-025	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-026	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-027	IGHV4-31*03	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-028	IGHV3-53*01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ1*01
IMPI-029	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ5*01
IMPI-030	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-031	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-032	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-033	IGHV4-31*03	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01

[3203]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
IMPI-034	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-035	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-036	IGHV1-8*01	IGHJ4*02	IGKV6-21*01	IGKJ3*01
IMPI-037	IGHV3-15*01	IGHJ4*02	IGKV1-9*d01	IGKJ1*01
IMPI-038	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGKV1-12*01	IGKJ1*01
IMPI-039	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-040	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-041	IGHV1-8*01	IGHJ4*02	IGKV6-21*01	IGKJ3*01
IMPI-042	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-33*01	IGKJ5*01
IMPI-043	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-044	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-045	IGHV4-31*03	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-046	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-047	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ4*01
IMPI-048	IGHV4-31*03	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-049	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-050	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01

[3204]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
IMPI-051	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-052	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ4*01
IMPI-053	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGKV2D-30*01	IGKJ4*01
IMPI-054	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-33*01	IGKJ5*01
IMPI-055	IGHV1-8*01	IGHJ4*02	IGKV6-21*01	IGKJ3*01
IMPI-056	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ5*01
IMPI-057	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
IMPI-058	IGHV5-51*01	IGHJ4*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ1*01
IMPI-059	IGHV3-53*01	IGHJ3*02	IGKV1-33*01	IGKJ2*04
IMPI-060	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ2*04
IMPI-061	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-062	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-063	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-064	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-065	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-066	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-067	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGKV3-20*01	IGKJ4*01

[3205]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
IMPI-068	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ3*01
IMPI-069	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-070	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-071	IGHV3-20*d01	IGHJ4*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
IMPI-072	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGKV3-20*01	IGKJ4*01

[3206]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
YANG-1101	IGHV4-39*01	IGHJ3*02	IGLV2-23*d02	IGLJ2*01
YANG-1102	IGHV4-4*02	IGHJ4*02	IGLV1-40*01	IGLJ3*02
YANG-1103	IGHV3-53*01	IGHJ4*02	IGKV1-9*d01	IGKJ5*01
YANG-1105	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ2*04
YANG-1106	IGHV3-53*01	IGHJ4*02	IGKV3-15*01	IGKJ1*01
YANG-1107	IGHV3-53*01	IGHJ4*02	IGKV1-9*d01	IGKJ5*01
YANG-1108	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGKV1D-13*d01	IGKJ4*01
YANG-1109	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ2*04
YANG-1110	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGLV4-60*d03	IGLJ1*01
YANG-1111	IGHV3-48*02	IGHJ4*02	IGLV3-21*d01	IGLJ2*01
YANG-1112	IGHV2-5*10	IGHJ3*02	IGLV3-10*01	IGLJ2*01
YANG-1113	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ2*01
YANG-1114	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ2*01
YANG-1115	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ2*01
YANG-1116	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ2*01
YANG-1117	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ2*01
YANG-1118	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ3*02
YANG-1119	IGHV3-21*03	IGHJ4*02	IGLV2-14*01	IGLJ2*01
YANG-1201	IGHV4-4*02	IGHJ6*02	IGKV3-20*01	IGKJ1*01
YANG-1202	IGHV3-7*01	IGHJ6*02	IGKV1-16*02	IGKJ1*01

[3207]

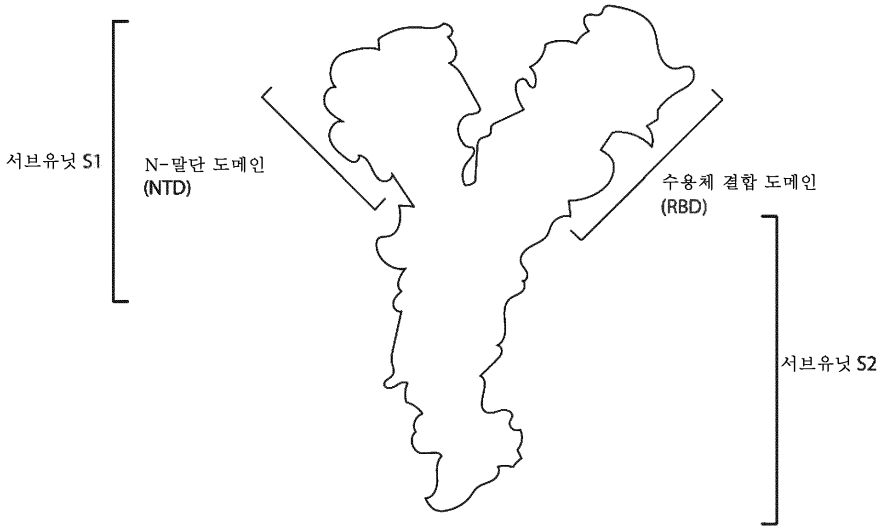
Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
YANG-1203	IGHV3-9*01	IGHJ6*02	IGKV1-33*01	IGKJ3*01
YANG-1204	IGHV3-30*18	IGHJ3*02	IGKV2-30*01	IGKJ4*01
YANG-1205	IGHV1-46*03	IGHJ4*02	IGKV2D-29*01	IGKJ1*01
YANG-1206	IGHV3-30*18	IGHJ4*02	IGLV1-40*01	IGLJ3*02
YANG-1207	IGHV3-33*01	IGHJ4*02	IGLV3-1*01	IGLJ2*01
YANG-1301	IGHV3-33*01	IGHJ5*02	IGLV3-1*01	IGLJ2*01
YANG-1302	IGHV3-33*01	IGHJ5*02	IGLV3-1*01	IGLJ2*01
YANG-1303	IGHV1-18*01	IGHJ4*02	IGLV3-10*01	IGLJ3*02
YANG-1304	IGHV4-34*01	IGHJ4*02	IGLV3-10*01	IGLJ3*02
YANG-1305	IGHV3-30*18	IGHJ6*02	IGKV1-27*01	IGKJ3*01
YANG-1401	IGHV4-4*02	IGHJ5*02	IGKV1D-16*01	IGKJ4*01
YANG-1402	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ4*01
YANG-1403	IGHV3-33*01	IGHJ6*02	IGKV1D-17*01	IGKJ1*01
YANG-2101	IGHV3-13*01	IGHJ4*02	IGKV1-16*02	IGKJ4*01
YANG-2102	IGHV3-13*01	IGHJ6*02	IGKV1-16*02	IGKJ1*01
YANG-2103	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGLV3-21*d01	IGLJ1*01
YANG-2104	IGHV3-13*01	IGHJ6*02	IGKV1-16*02	IGKJ1*01
YANG-2105	IGHV3-53*01	IGHJ6*02	IGKV1-9*d01	IGKJ4*01
YANG-2106	IGHV3-33*01	IGHJ6*02	IGKV1D-17*01	IGKJ1*01
YANG-2107	IGHV4-4*02	IGHJ3*02	IGLV2-23*d02	IGLJ2*01
YANG-2108	IGHV4-4*02	IGHJ3*02	IGLV2-23*d02	IGLJ2*01
YANG-2109	IGHV1-69*05	IGHJ6*02	IGKV1-17*01	IGKJ4*01

[3208]

Ab 명칭	중쇄 v 유전자 절편	중쇄 j 유전자 절편	경쇄 v 유전자 절편	경쇄 j 유전자 절편
YANG-2110	IGHV3-53*01	IGHJ4*02	IGKV3D-7*01	IGKJ4*01
YANG-2111	IGHV3-9*01	IGHJ4*02	IGKV2-28*01	IGKJ5*01
YANG-2112	IGHV1-24*d01	IGHJ6*02	IGLV1-47*01	IGLJ2*01
YANG-2201	IGHV3-30*18	IGHJ4*02	IGKV2D-28*d01	IGKJ5*01
YANG-2202	IGHV3-23*04	IGHJ4*02	IGKV1-12*01	IGKJ5*01
YANG-2203	IGHV1-46*03	IGHJ3*02	IGLV1-51*01	IGLJ2*01
YANG-2204	IGHV1-46*03	IGHJ3*02	IGLV1-51*01	IGLJ3*02
YANG-2205	IGHV1-46*03	IGHJ3*02	IGLV1-51*01	IGLJ3*02
YANG-2206	IGHV1-46*03	IGHJ3*02	IGLV1-51*01	IGLJ3*02
YANG-2207	IGHV1-46*03	IGHJ3*02	IGLV1-51*01	IGLJ3*02
YANG-2208	IGHV1-46*03	IGHJ3*02	IGLV1-51*01	IGLJ3*02
YANG-2301	IGHV1-24*d01	IGHJ6*02	IGKV3-15*01	IGKJ4*01
YANG-2302	IGHV1-24*d01	IGHJ6*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
YANG-2303	IGHV1-24*d01	IGHJ6*02	IGKV3-20*01	IGKJ2*04
YANG-2304	IGHV1-24*d01	IGHJ5*02	IGLV2-8*01	IGLJ2*01
YANG-2305	IGHV3-33*01	IGHJ6*02	IGLV3-1*01	IGLJ2*01
YANG-2306	IGHV1-24*d01	IGHJ5*02	IGLV2-8*01	IGLJ2*01

도면

도면1



도면2a

```
MFVFLVLLPLVSSQCVNLTTRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSVLHS    50
TQDLFLPFFSNVTWFHAIHVSGTNGTKRFDNPVLPFNDGVYFASTEKSNI   100
IRGWIFGTTLDSKTQSLLIVNNATNVVIKVCEFQFCNDPFLGVYYHKNNK   150
SWMESEFRVYSSANNCTFEYVSQPFLMDLEGKQGNFKNLREFVFKNIDGY   200
FKIYSKHTPINLVRDLPQGFSALEPLVDLPIGINITRFQTLLALHRSYLT   250
PGDSSSGWTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETK   300
CTLKSFTVEKGIYQTSNFRVQPTESIVRFPNITNLCPFGEVFNATRFASV   350
YAWNRKRISNCVADYSVLYNSASFSTFKCYGVSPTKLNDLCFTNVYADSF   400
VIRGDEVRQIAPGQTGKIADYNYKLPDDFTGCVIAWNSNNLDSKVGGNYN   450
YLYRLFRKSNLKPFERDISTEIYQAGSTPCNGVEGFNCYFPLQSYGFQPT   500
NGVGYQPYRVVVLSFELLHAPATVCGPKKSTNLVKNKCVNFNFNGLTGTG   550
VLTESNKKFLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQTLEILDITPCSFGGVSVITP   600
GTNTSNQVAVLYQDVNCTEVPVAIHADQLTPTWRVYSTGSNVFQTRAGCL   650
IGAEHVNNSYECDIPIGAGICASYQTQTNSPRRARSVASQSIIAYTMSLG   700
AENSVAYSNNSIAIPTNFTISVTTEILPVSMTKTSVDCTMYICGDSTECS   750
NLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDKNTQEVFAQVKQIYKTPPIKDFGGF   800
NFSQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYGDCLGDIAARDLI   850
CAQKFNGLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGWTFGAGAALQIPFAM   900
QMAYRFNGIGVTQNVLYENQKLIANQFNSAIGKIQDSLSSTASALGKLQD   950
VVNQNAQALNTLVKQLSSNFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGR  1000
LQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLAATKMSECVLGQSKRVDFCGKGYHLM  1050
SFPQSAPHGVVFLHVTYVPAQEKNFTTAPAICHDGKAHFPREGVFVSNGT  1100
HWFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGNCDVVIGIVNNTVYDPLQPELDSFKE  1150
ELDKYFKNHTSPDVDLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDL  1200
QELGKYEQYIKWPWYIWLGFIAGLIAIVMVTIMLCCMTSCCSCLKGCCSC  1250
GSCCKFDEDDSEPVLKGVKLHYT    1273
```

도면2b

MFVFLVLLPLVSSQCVNLTTRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSVLHS 50

TQDLFLPFFSNVTWFHAIHVSGTNGTKRFDNPVLPFNDGVYFASTEKSNI 100

IRGWIFGTTLDSKTQSLLIVNNATNVVIKVCEFQFCNDPFLGVYYHKNNK 150

SWMESEFRVYSSANNCTFEYVSQPFLMDLEGKQGNFKNLREFVFKNIDGY 200

FKIYSKHTPINLVRDLPQGFSALEPLVDLPIGINITRFQTLLALHRSYLT 250

PGDSSSGWTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETK 300

CTLKSFTVEKGIYQTSNFRVQPTESIVRFPNITNLCPFGEVFNATRFASV 350

YAWNRKRISNCVADYSVLYNSASFSTFKCYGVSPTKLNDLCFTNVYADSF 400

VIRGDEVRQIAPGQTGKIADYNYKLPDDFTGCVIAWNSNNLDSKVGGNYN 450

YLYRLFRKSNLKPFERDISTEIYQAGSTPCNGVEGFNCYFPLQSYGFQPT 500

NGVGYQPYRVVVLSFELLHAPATVCGPKKSTNLVKNKCVNFNFNGLTGTG 550

VLTESNKKFLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQTLEILDITPCSFGGVSVITP 600

GTNTSNQVAVLYQDVNCTEVPVAIHADQLTPTWRVYSTGSNVFQTRAGCL 650

IGAEHVNNSYECDIPIGAGICASYQTQTNSPRRAR**SVASQSIIAYTMSLG** 700

AENSVAYSNNSIAIPTNFTISVTTEILPVSMTKTSVDCTMYICGDSTECS 750

NLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDKNTQEVFAQVKQIYKTPPIKDFGGF 800

NFSQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYGDCLGDIAARDLI 850

CAQKFNGLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGWTFGAGAALQIPFAM 900

QMAYRFNGIGVTQNVLYENQKLIANQFNSAIGKIQDSLSSTASALGKLQD 950

VVNQNAQALNTLVKQLSSNFGAISSVLNDILSRLDPPEAEVQIDRLITGR 1000

LQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLAATKMSECVLGQSKRVDFCGKGYHLM 1050

SFPQSAPHGVVFLHVTYVPAQEKNFTTAPAICHDGKAHFPREGVFVSNGT 1100

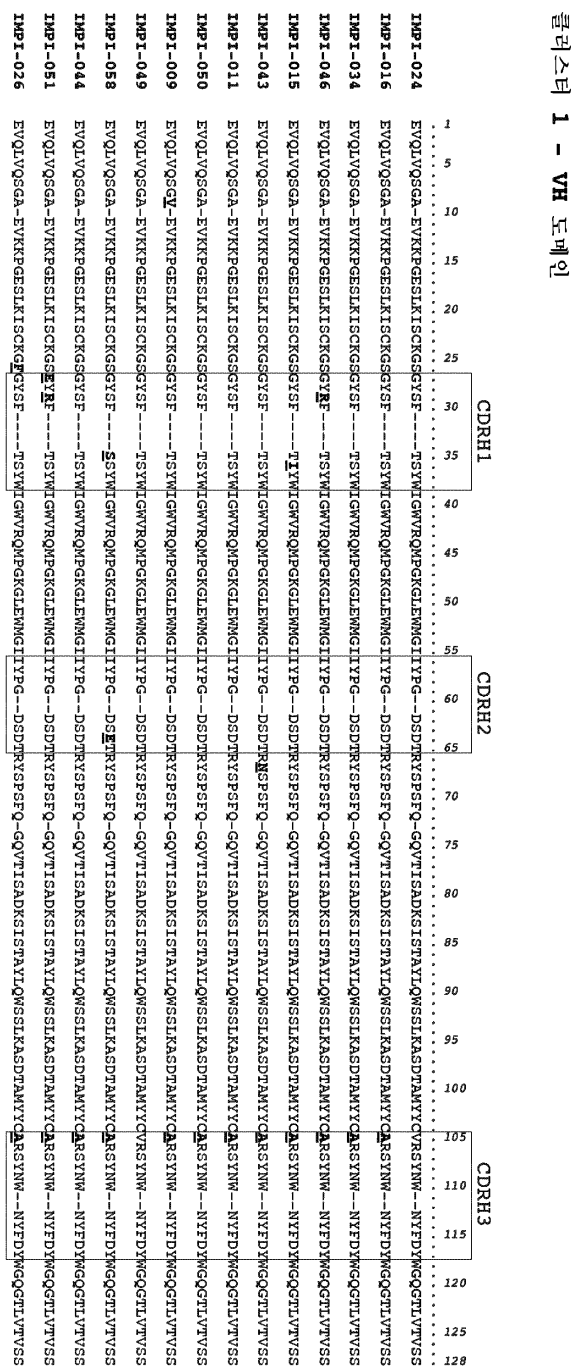
HWFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGNCDVVIGIVNNTVYDPLQPELDSFKE 1150

ELDKYFKNHTSPDVDLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDL 1200

QELGKYEQYIKWPWYIWLGFIAGLIAIVMVTIMLCCMTSCCSCLKGCCSC 1250

GSCCKFDEDDSEPVLKGVKLHYT 1273

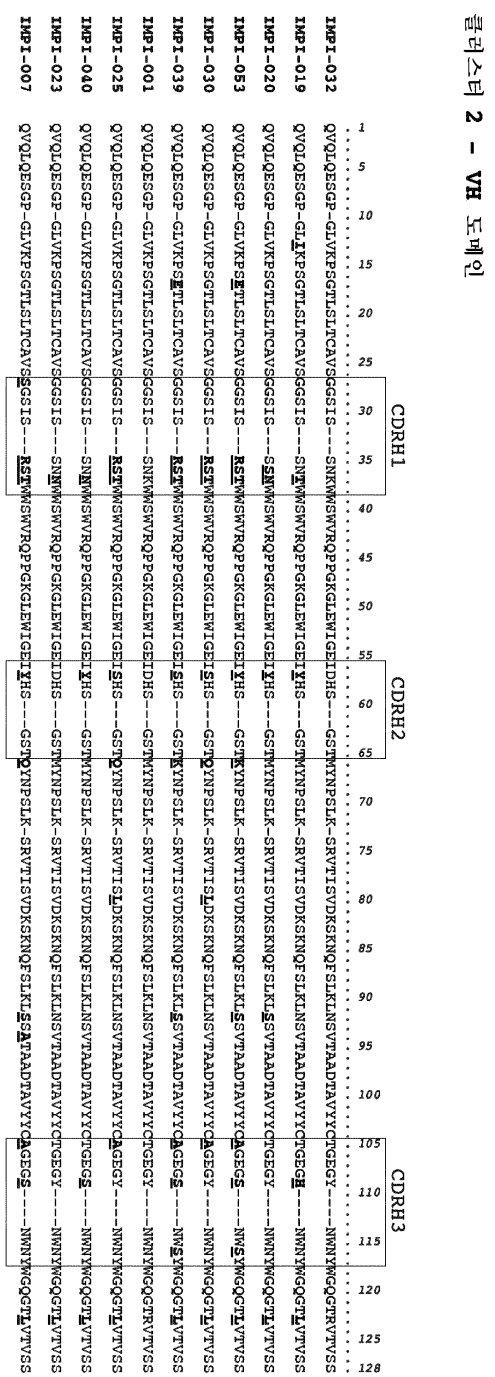
도면3a


클러스터 1 - VH 도메인
CDRH1
CDRH2
CDRH3
IMPI-024
IMPI-016
IMPI-034
IMPI-046
IMPI-015
IMPI-043
IMPI-011
IMPI-050
IMPI-009
IMPI-049
IMPI-058
IMPI-044
IMPI-051
IMPI-026

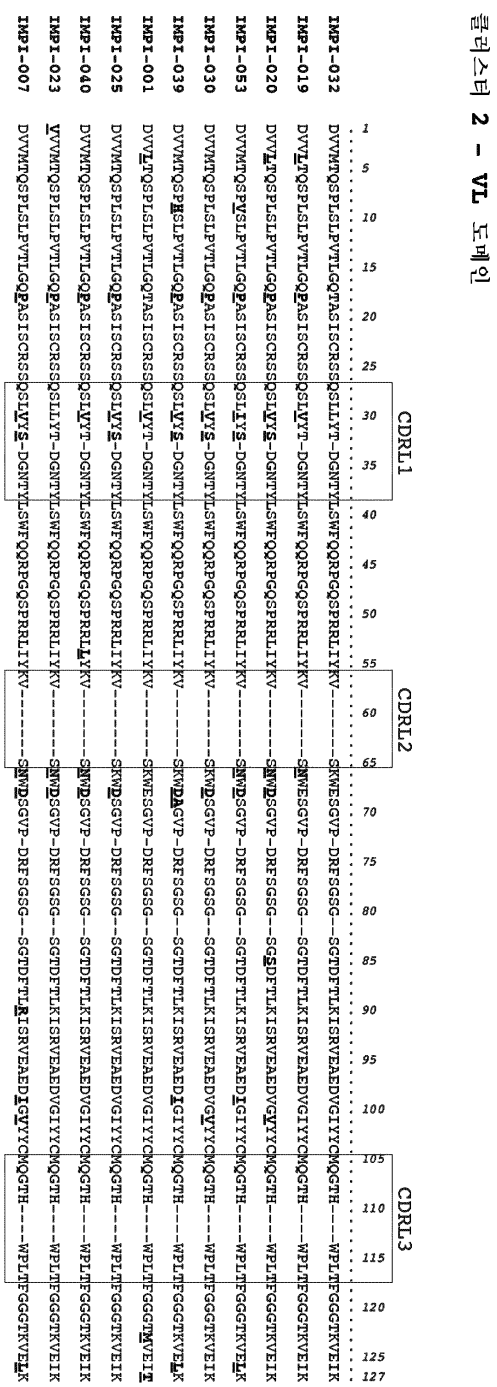
도면3b

클러스터 1 - VL 도메인
CDRL1
CDRL2
CDRL3
IMPI-024
IMPI-016
IMPI-034
IMPI-046
IMPI-015
IMPI-043
IMPI-011
IMPI-050
IMPI-009
IMPI-049
IMPI-058
IMPI-044
IMPI-051
IMPI-026

도면3c


클러스터 2 - VH 도메인
CDRH1
CDRH2
CDRH3
IMPI-032
IMPI-019
IMPI-020
IMPI-053
IMPI-030
IMPI-039
IMPI-001
IMPI-025
IMPI-040
IMPI-023
IMPI-007

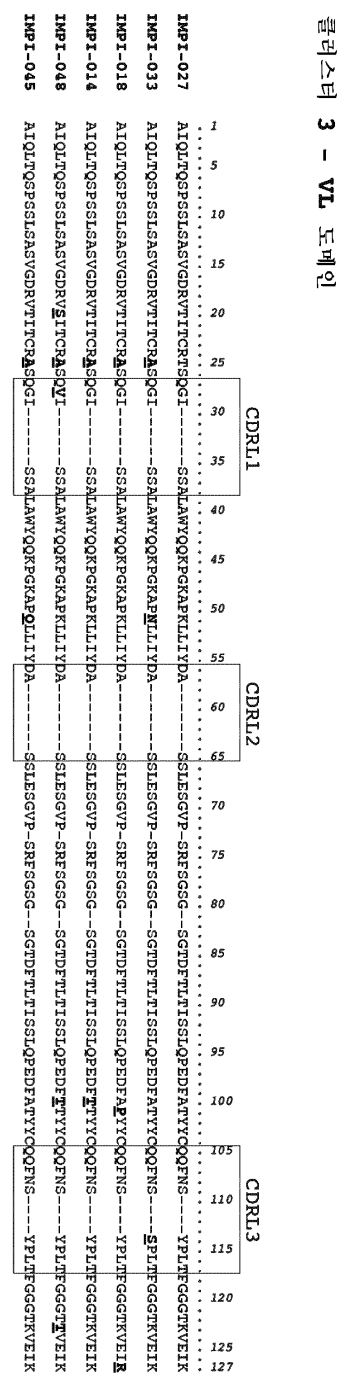
도면3d


클러스터 2 - VL 도메인
CDRL1
CDRL2
CDRL3
IMPI-032
IMPI-019
IMPI-020
IMPI-053
IMPI-030
IMPI-039
IMPI-001
IMPI-025
IMPI-040
IMPI-023
IMPI-007

도면3e


클러스터 3 - VH 도메인
CDRH1
CDRH2
CDRH3
IMPI-027
IMPI-033
IMPI-018
IMPI-014
IMPI-048
IMPI-045

도면3f


클러스터 3 - VL 도메인
CDRL1
CDRL2
CDRL3
IMPI-027
IMPI-033
IMPI-018
IMPI-014
IMPI-048
IMPI-045

도면3g

클러스터 4 - VH 도메인

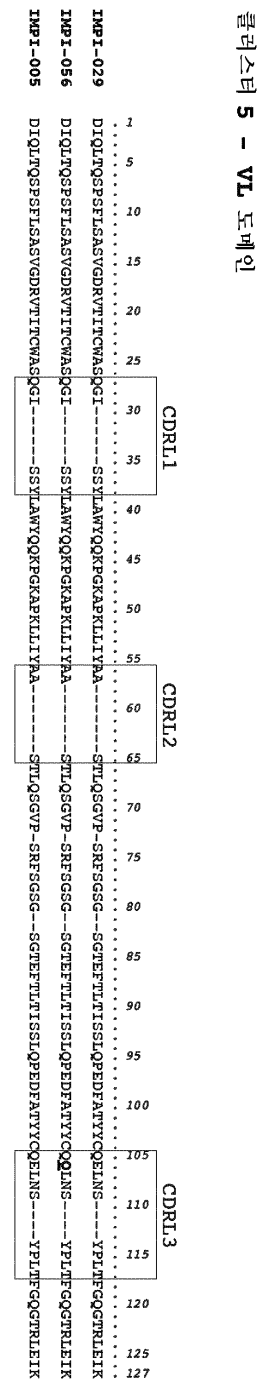
도면3h

클러스터 4 - VL 도메인

도면3i

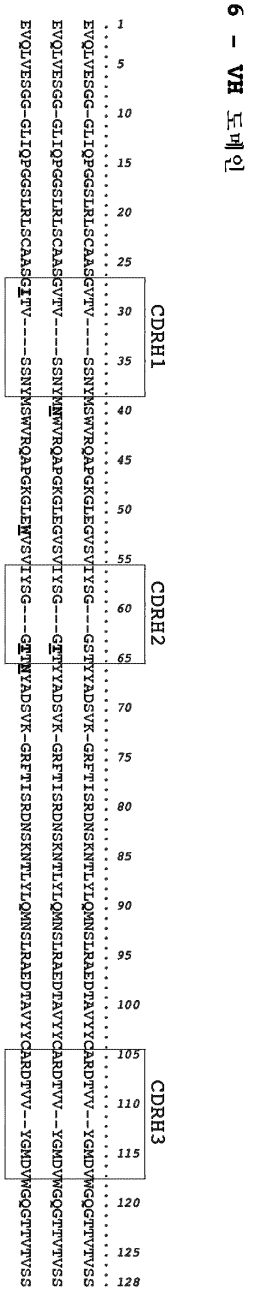

클러스터 5 - VH 도메인
CDRH1
CDRH2
CDRH3
IMPI-029
IMPI-056
IMPI-005
EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGVTV----SSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSG---GSTYYADSVK-GRFTISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDSAVYYCARDLGP--YGVDVWGQGTTVTVSS
EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGLTV----SSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSG---GSTFYADSVK-GRFTISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDSAVYYCARDLGP--YGVDVWGQGTTVTVSS
EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGFTV----SSNYMNWVRQAPGKGLEWVSVIYSG---GSTYYADSVK-GRFTISRDNSKNTLFLQMNSLRAEDSAVYYCARDLGP--YGVDVWGQGTTVTVSS

도면3j

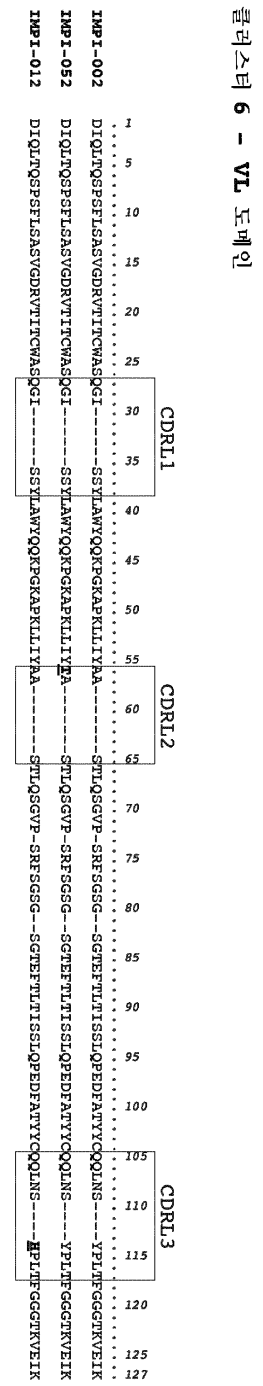


도면3k

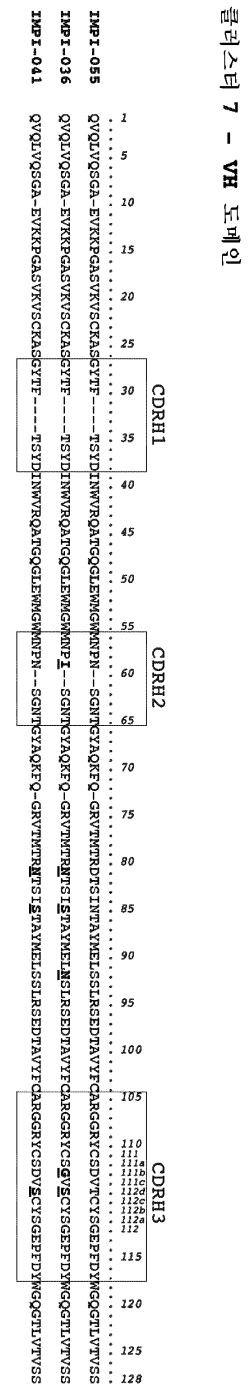
클러스터 6 - VH 도메인



도면31


클러스터 6 - VL 도메인
CDRL1
CDRL2
CDRL3
IMPI-002
IMPI-052
IMPI-012
DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGI------SSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAA------GTLQSGVP-SRFSGSG--SGTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQLNS----YPLTFGGGTKVEIK
DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGI------SSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAA------GTLQSGVP-SRFSGSG--SGTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQLNS----YPLTFGGGTKVEIK
DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCWASQGI------SSYLAWYQQKPGKAPKLLIYAA------GTLQSGVP-SRFSGSG--SGTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQLNS----HPLTFGGGTKVEIK

도면3m

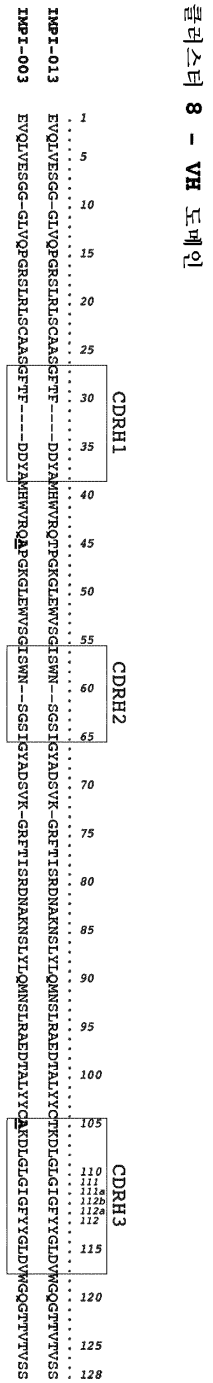


도면3n

클러스터 **7 - VL** 도메인

```
                                  CDRL1                 CDRL2                                         CDRL3
          1   5    10   15   20   25   30   35   40   45   50   55   60   65   70   75   80   85   90   95   100  105  110  115  120  125 127
          ...............................................................................................................................
IMPI-055  EIMLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSI------GSSLHWYQQKPDQSPKLLIKFA-------SQSISGVP-SRFSGSG--SGTDFTLTINSLEAEDAAAYYCHQSSS----LPHTFGPGTKVEIK
IMPI-036  EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSI------GSSLHWYQQKPDQSPKLLIKYA-------SQSISGVP-SRFSGSG--SGTDFTLTINSLEAEDAAAYYCHQSSS----LPHTFGPGTKVEIK
IMPI-041  EIVLTQSPDFQSVTPKEKVTITCRASQSI------GSSLHWFQQKPDQSPKLLIKYT-------SQSISGVP-SRFSGSG--SGTDFTLTINSLEAEDAAAYYCHQSSS----LPHTFGPGTKVEIK
```

도면30

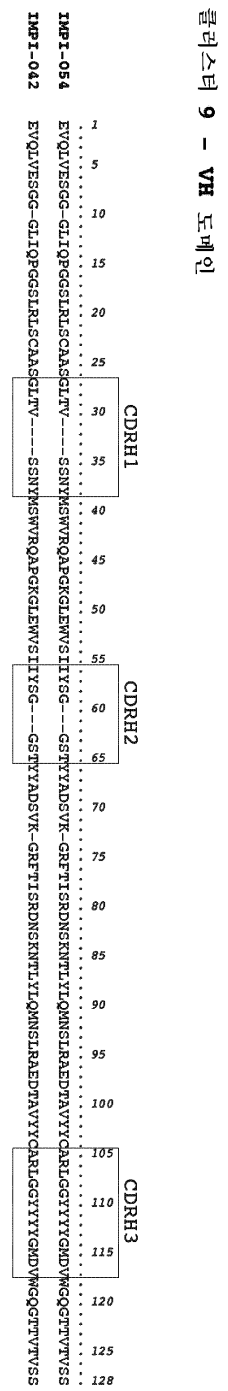


도면3p

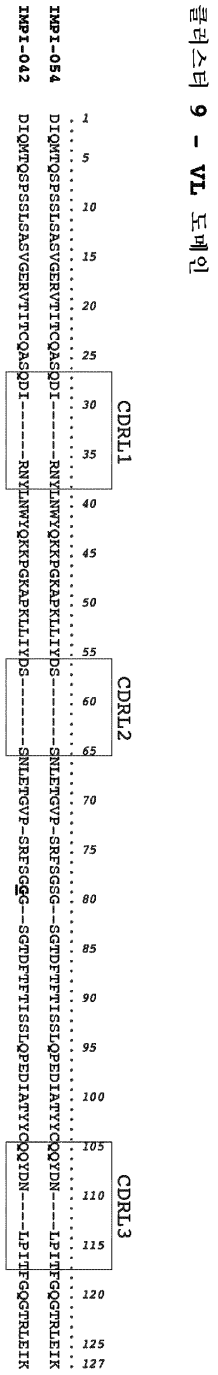
클러스터 8 - VL 도메인

```
                                       CDRL1                                 CDRL2                                                                CDRL3
          1   5    10   15   20   25   30   35   40   45   50   55   60   65   70   75   80   85   90   95   100  105  110  115  120  125 127
          ...............................................................................................................................
IMPI-013  AIQMTQSPSSLSTSVGDRVTITCRASQGI------RNDLGWYQLKPGKAPKLLIYDA-------STLQSGVP-SRFSGSG--SGTDFTLTISSLEPEDLATYYCLHHYT----YPWTFGHGTKVELK
IMPI-003  AIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI------RNDLGWYQQKPGKAPKLLIYDA-------STLQSGVP-SRFSGSG--SGTDFTLTLSSLEPEDLATYYCLHHYT----YPWTFGHGTKVELK
```

도면3q


클러스터 9 - VH 도메인
IMPI-042 EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGLTV----SSNYMSWVRQAPGKGLEWVSIIYSG---GSTYYADSVK-GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARLGGYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
IMPI-054 EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGLTV----SSNYMSWVRQAPGKGLEWVSIIYSG---GSTYYADSVK-GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARLGGYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
CDRH1
CDRH2
CDRH3

도면3r

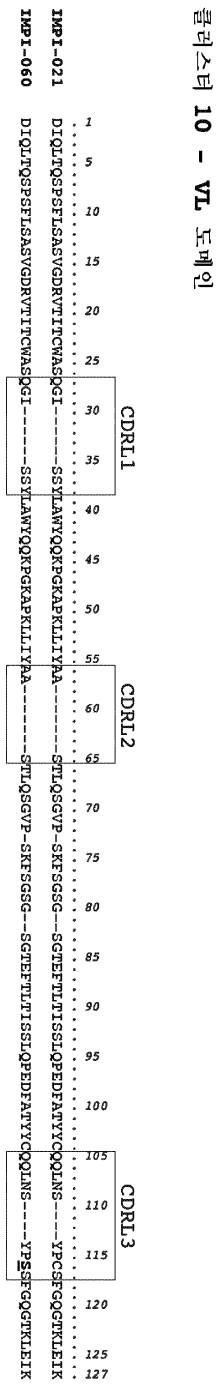

클러스터 9 - VL 도메인
IMPI-054
IMPI-042
DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCQASQDI-----RNYLNWYQKKPGKAPKLLIYDS-----SNLETGVP-SRFSGSG--SGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDN----LPITFGQGTRLEIK
DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCQASQDI-----RNYLNWYQKKPGKAPKLLIYDS-----SNLETGVP-SRFSGSG--SGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDN----LPITFGQGTRLEIK
CDRL1
CDRL2
CDRL3

도면3s

클러스터 **10 - VH** 도메인

```
                                      CDRH1                       CDRH2                                                  CDRH3
           1   5    10   15   20   25   30   35   40   45   50   55   60   65   70   75   80   85   90   95   100  105  110  115  120  125  128
IMPI-021   EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGVTV----SSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSG---GSTFYADSVK-GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSY--YGMDVWGQGTTVTVSS
IMPI-060   EVQLVESGG-GLIQPGGSLRLSCAASGVTV----SSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSG---GSTFYADSVK-GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLSY--YGMDVWGQGTTVTVSS
```

도면3t



도면3u

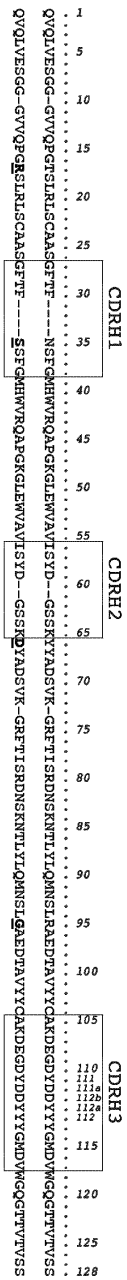
클러스터 11 - VH 도메인

도면3v

클러스터 **11 - VL** 도메인

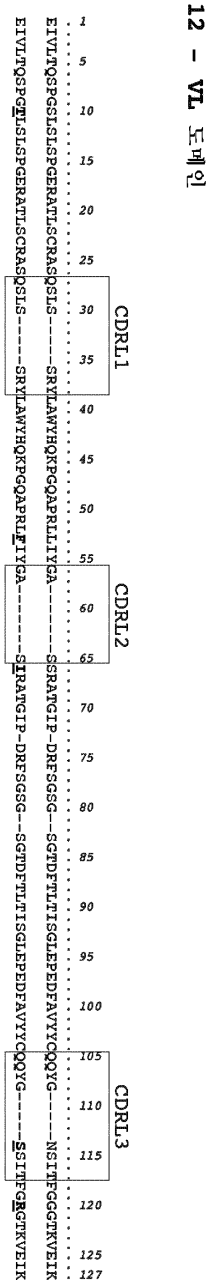
도면3w

클러스터 12 - VH 도메인

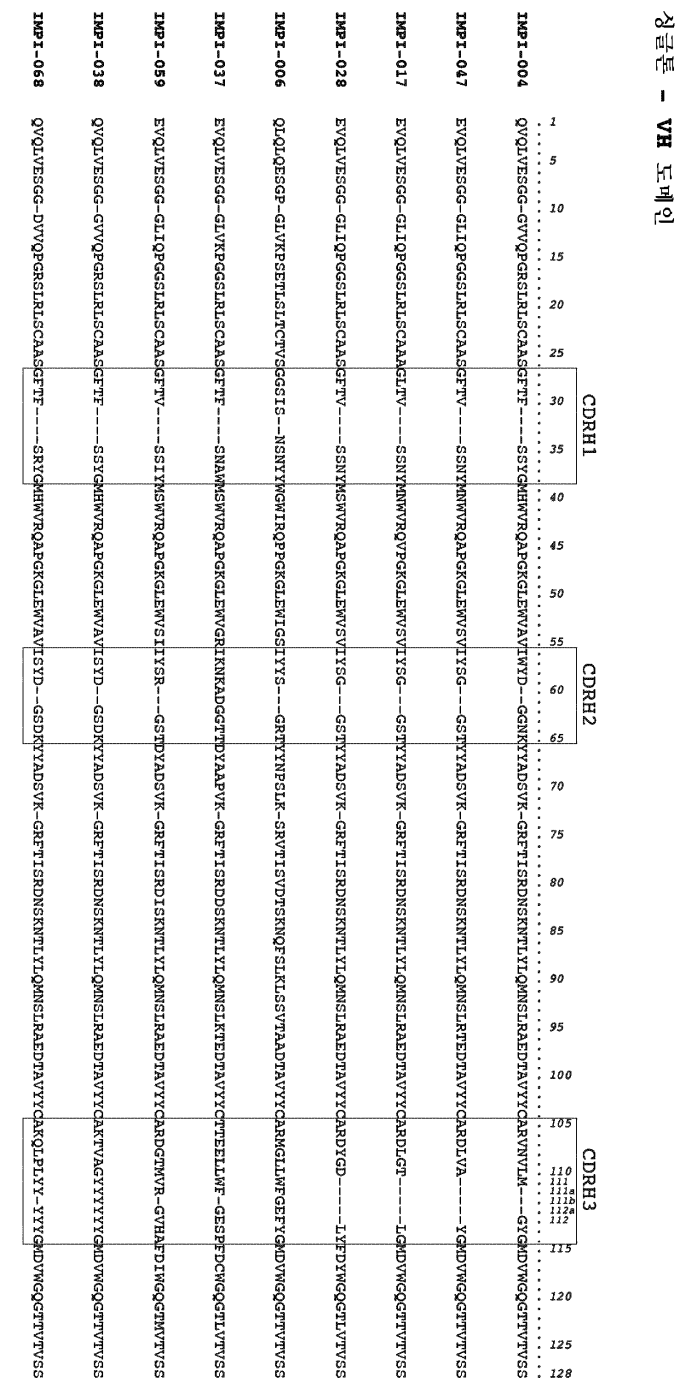


도면3x

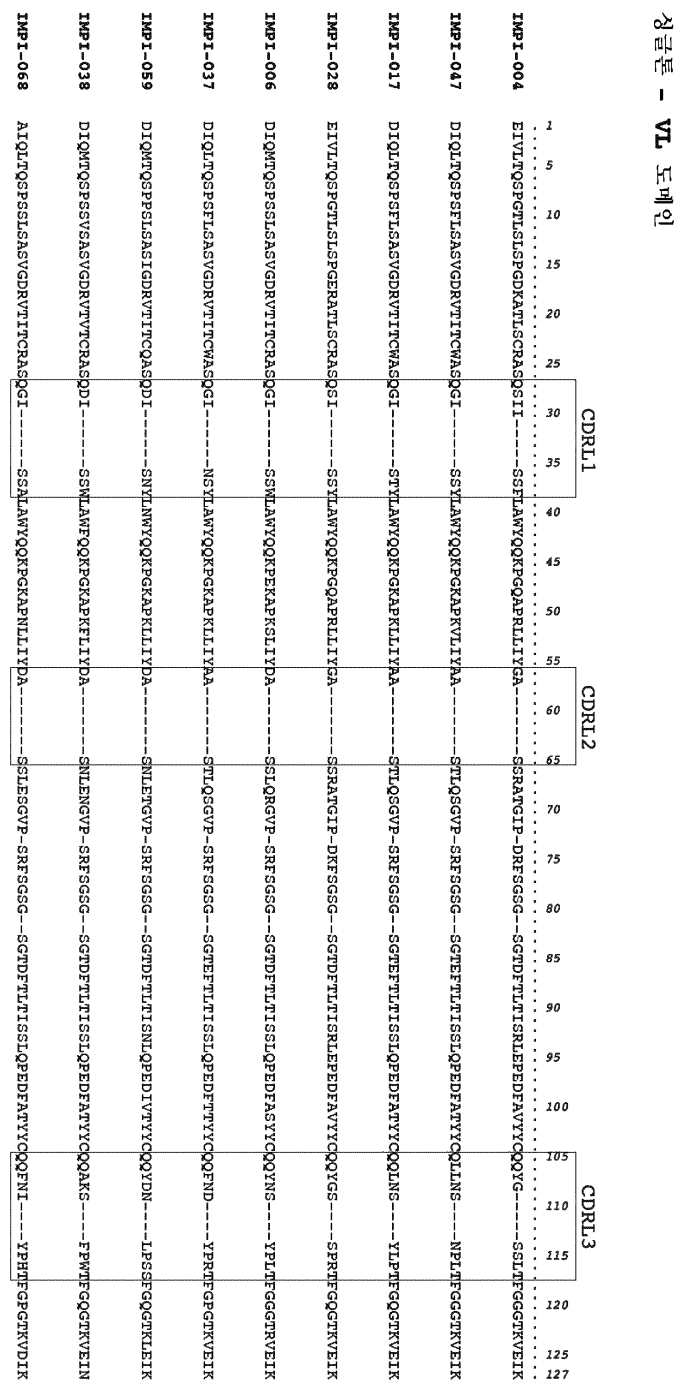
클러스터 12 - VL 도메인



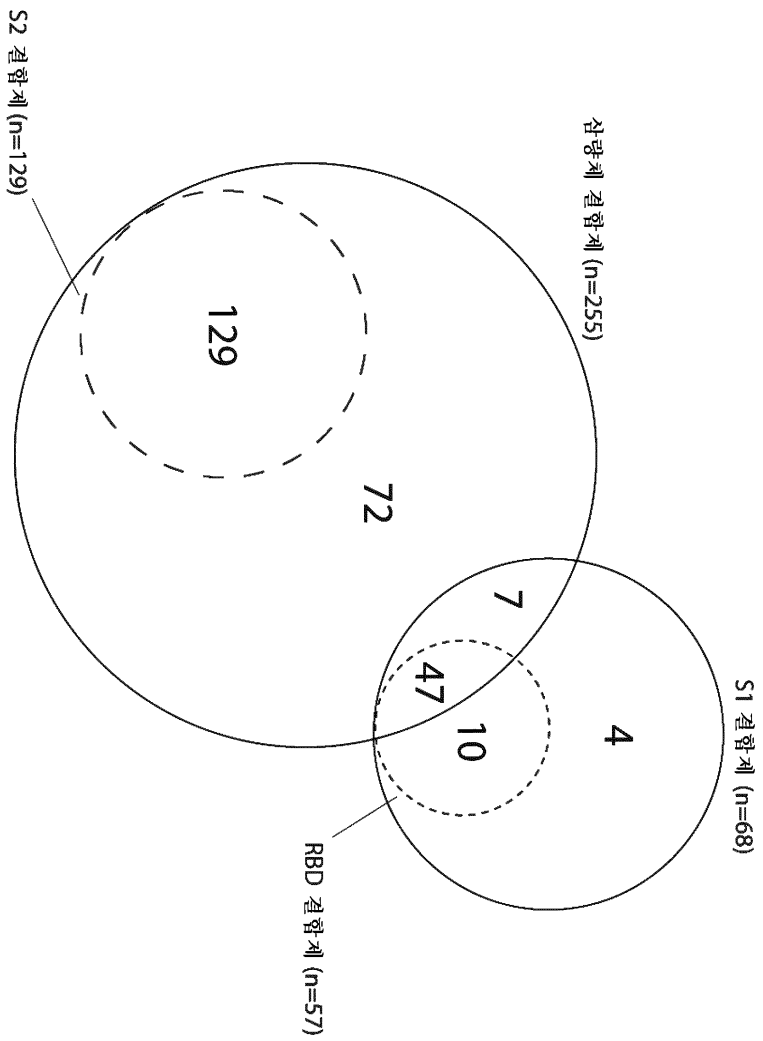
도면3y


싱글톤 - VH 도메인
CDRH1
CDRH2
CDRH3
IMPI-004
IMPI-047
IMPI-017
IMPI-028
IMPI-006
IMPI-037
IMPI-059
IMPI-038
IMPI-068

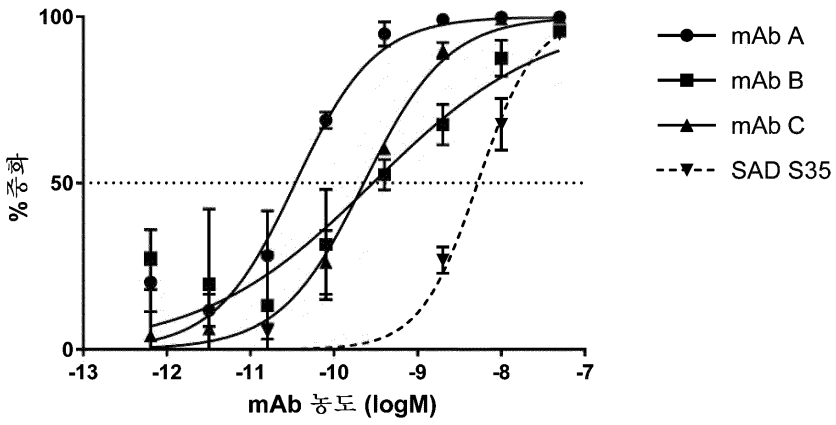
도면3z


싱글콜 - VL 도메인
CDRL1
CDRL2
CDRL3
IMPI-004
IMPI-047
IMPI-017
IMPI-028
IMPI-006
IMPI-037
IMPI-059
IMPI-038
IMPI-068

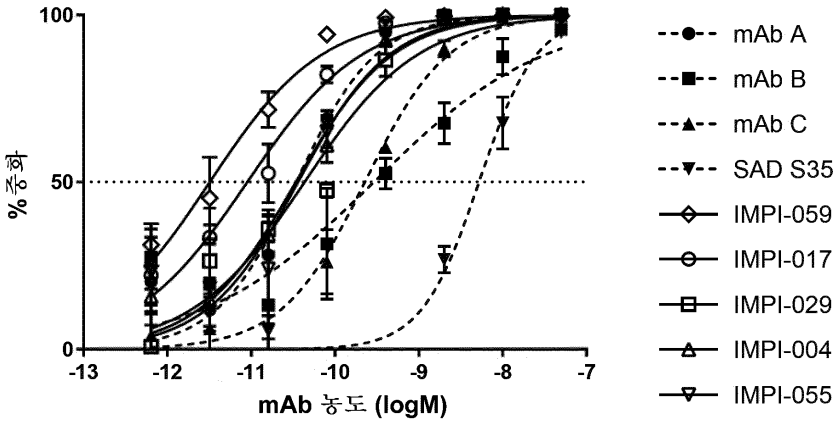
도면4


S2 결합제 (n=129)
삼량체 결합제 (n=255)
S1 결합제 (n=68)
RBD 결합제 (n=57)
129
72
7
47
10
4

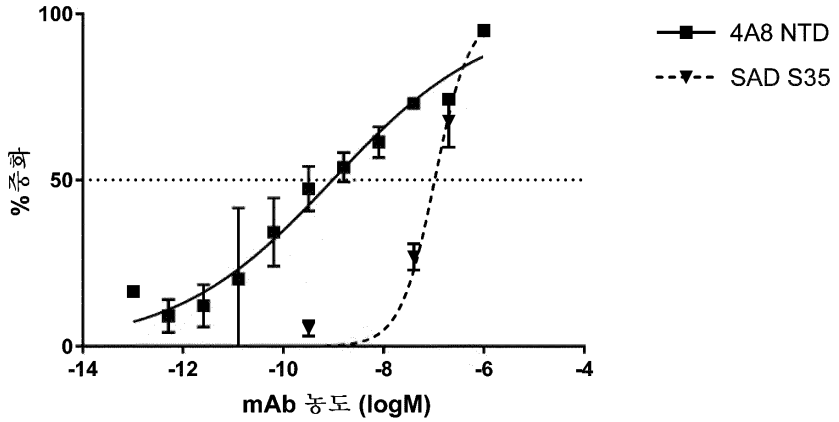
도면5


100
50
0
% 중화
-13
-12
-11
-10
-9
-8
-7
mAb 농도 (logM)
mAb A
mAb B
mAb C
SAD S35

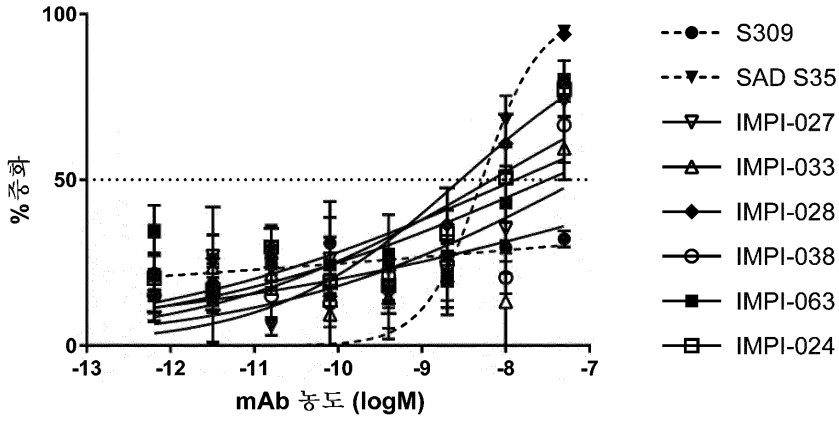
도면6


100
50
0
% 중화
-13
-12
-11
-10
-9
-8
-7
mAb 농도 (logM)
mAb A
mAb B
mAb C
SAD S35
IMPI-059
IMPI-017
IMPI-029
IMPI-004
IMPI-055

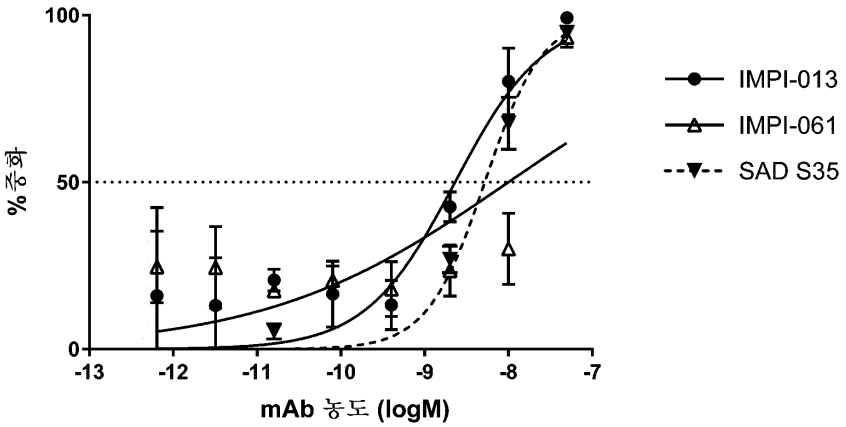
도면7


100
50
0
% 중화
-14
-12
-10
-8
-6
-4
mAb 농도 (logM)
4A8 NTD
SAD S35

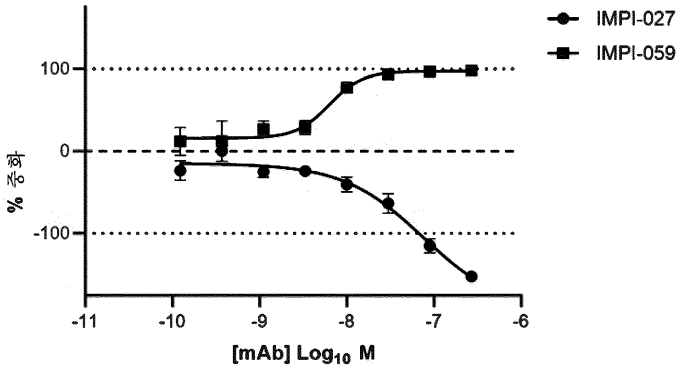
도면8


100
50
0
% 중화
-13
-12
-11
-10
-9
-8
-7
mAb 농도 (logM)
S309
SAD S35
IMPI-027
IMPI-033
IMPI-028
IMPI-038
IMPI-063
IMPI-024

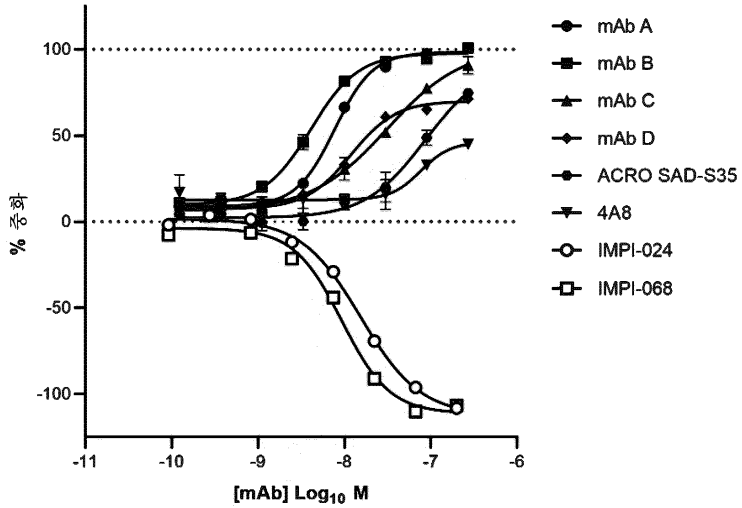
도면9



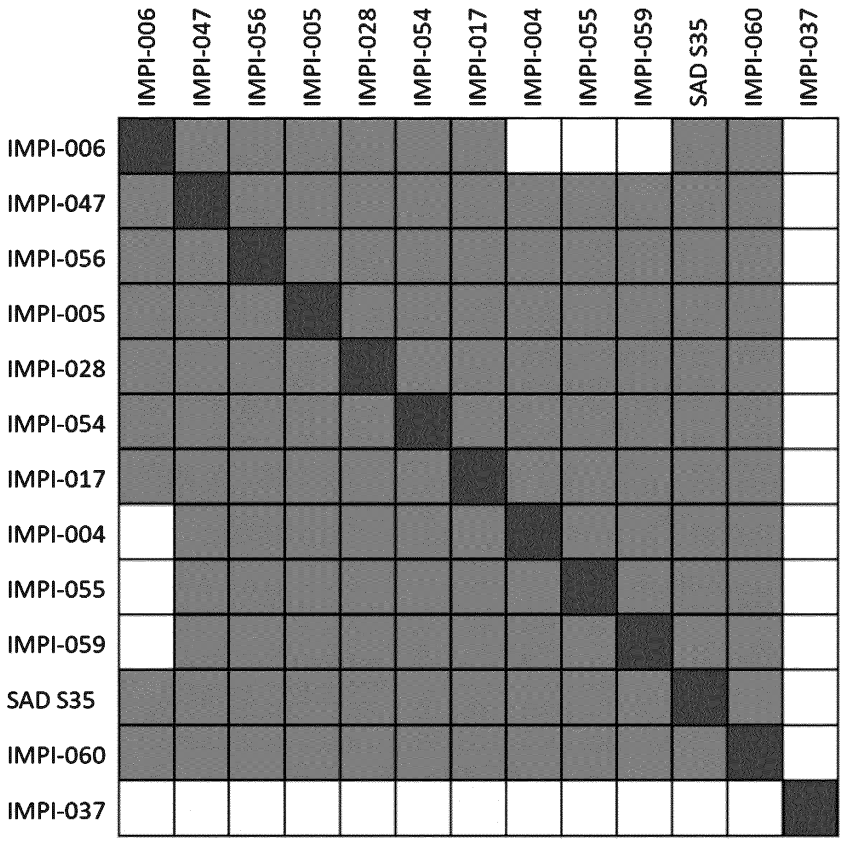
도면10



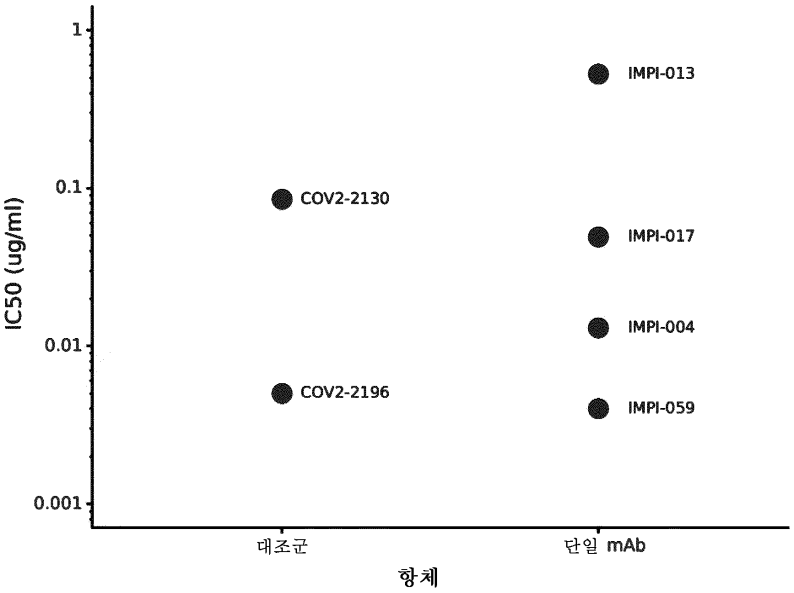
도면11



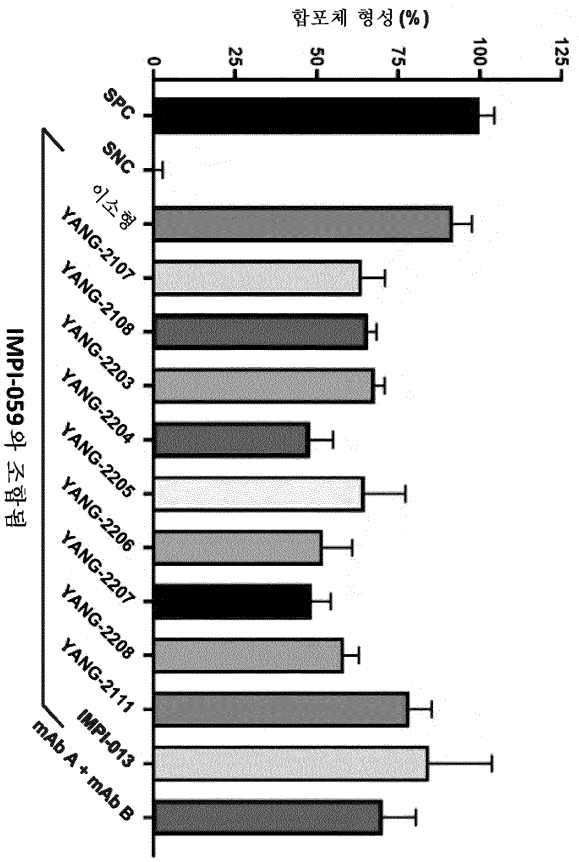
도면12


IMPI-006
IMPI-047
IMPI-056
IMPI-005
IMPI-028
IMPI-054
IMPI-017
IMPI-004
IMPI-055
IMPI-059
SAD S35
IMPI-060
IMPI-037

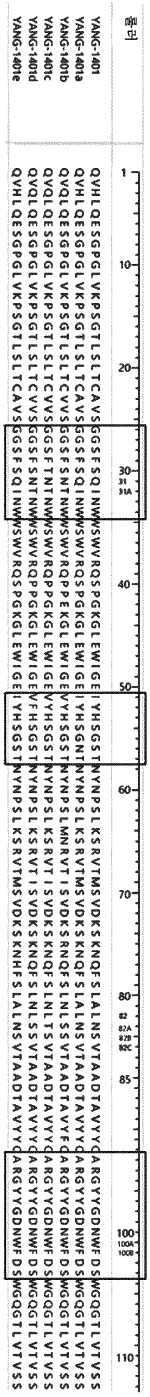
도면13


1
0.1
0.01
0.001
IC50 (ug/ml)
COV2-2130
COV2-2196
IMPI-013
IMPI-017
IMPI-004
IMPI-059
대조군
단일 mAb
항체

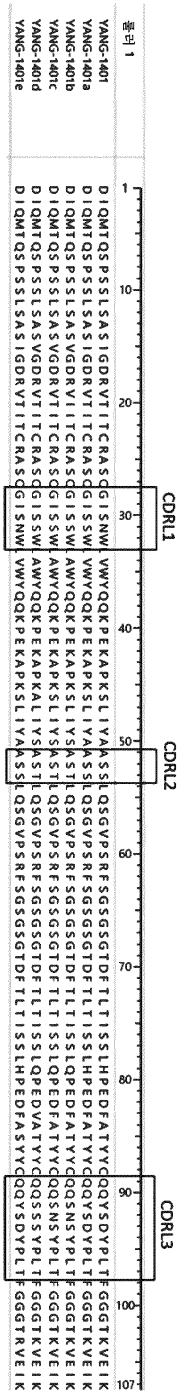
도면14


합포체 형성(%)
0
25
50
75
100
125
SPC
SNC
이소형
YANG-2107
YANG-2108
YANG-2203
YANG-2204
YANG-2205
YANG-2206
YANG-2207
YANG-2208
YANG-2111
IMPI-013
mAb A + mAb B
IMPI-059와 조합됨

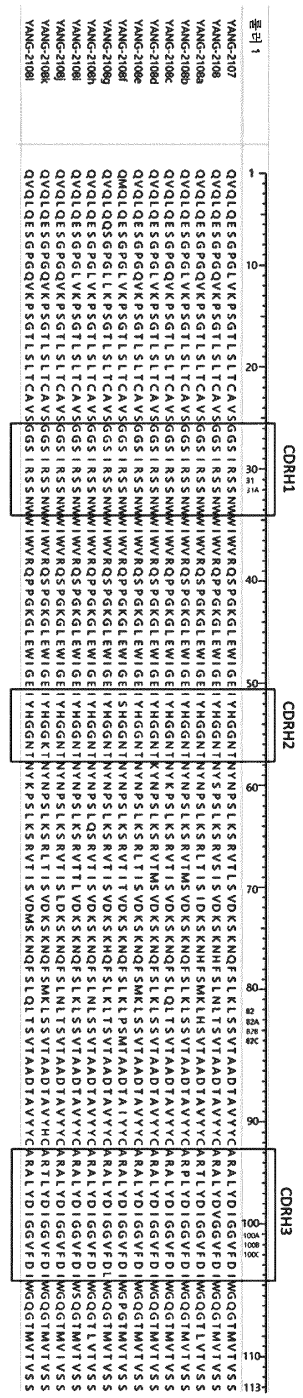
도면15



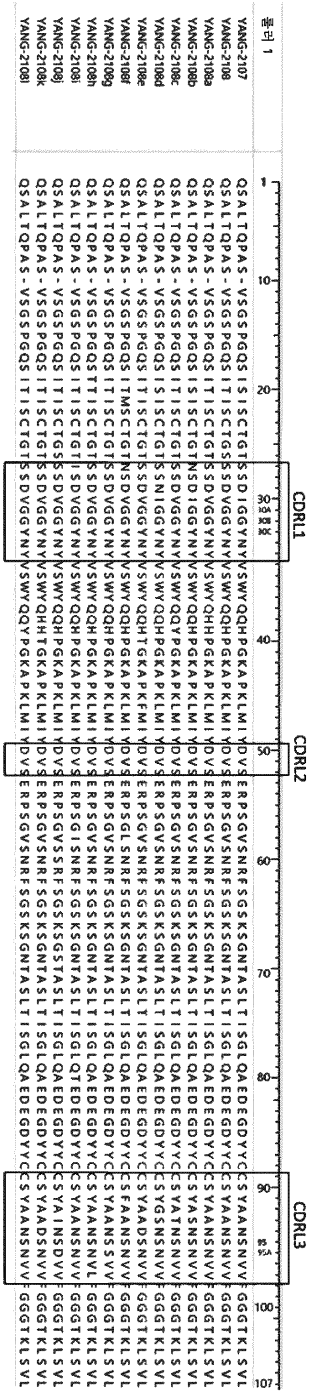
도면16


폴더 1
YANG-1401
YANG-1401a
YANG-1401b
YANG-1401c
YANG-1401d
YANG-1401e
CDRL1
CDRL2
CDRL3

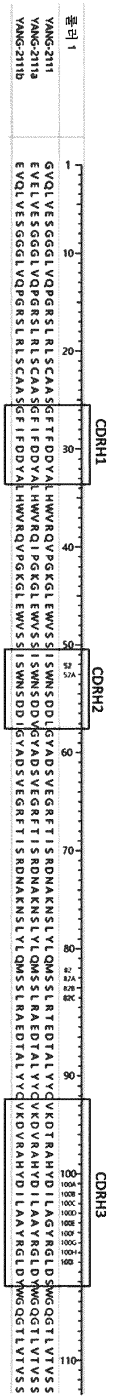
도면17



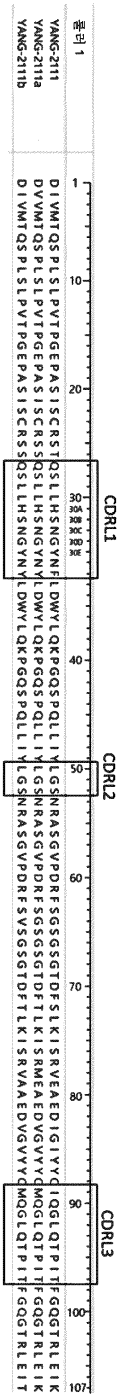
도면18



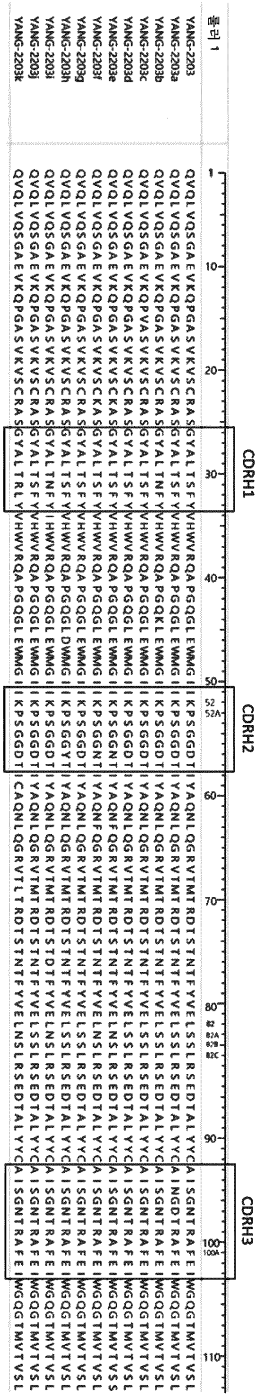
도면19



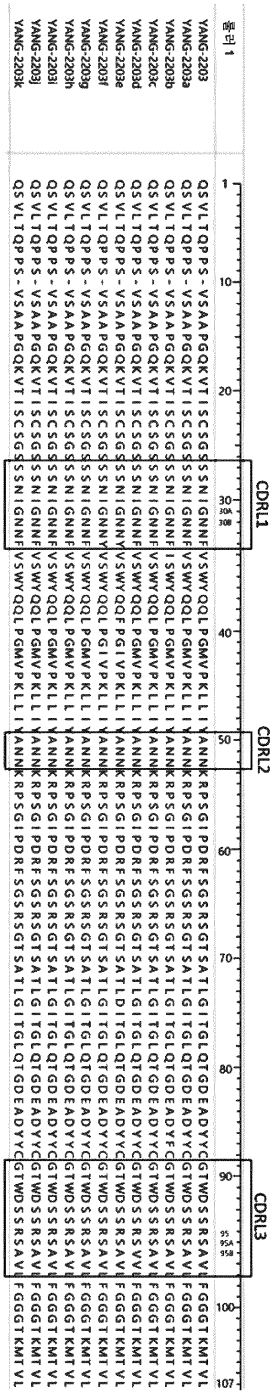
도면20



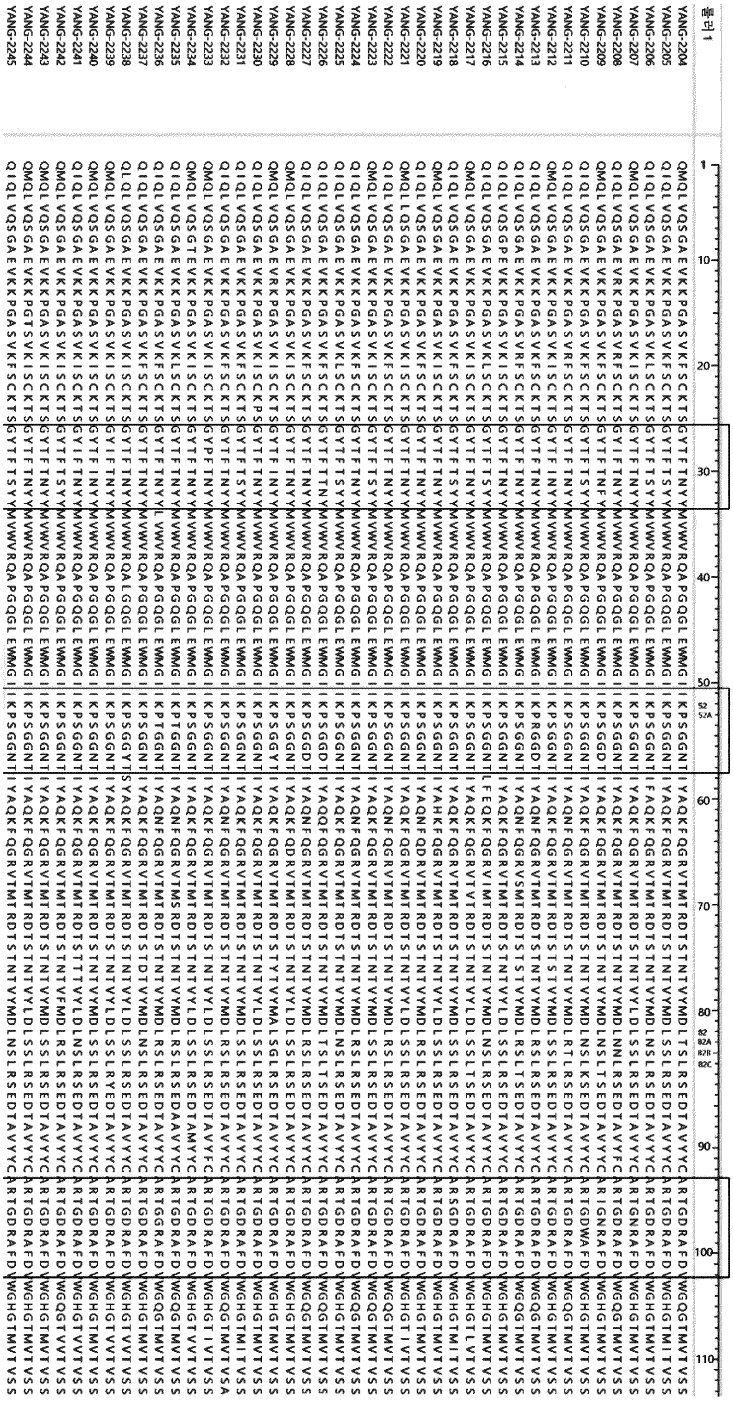
도면21


폴리 1
YANG-2203
YANG-2203a
YANG-2203b
YANG-2203c
YANG-2203d
YANG-2203e
YANG-2203f
YANG-2203g
YANG-2203h
YANG-2203i
YANG-2203j
YANG-2203k
CDRH1
CDRH2
CDRH3

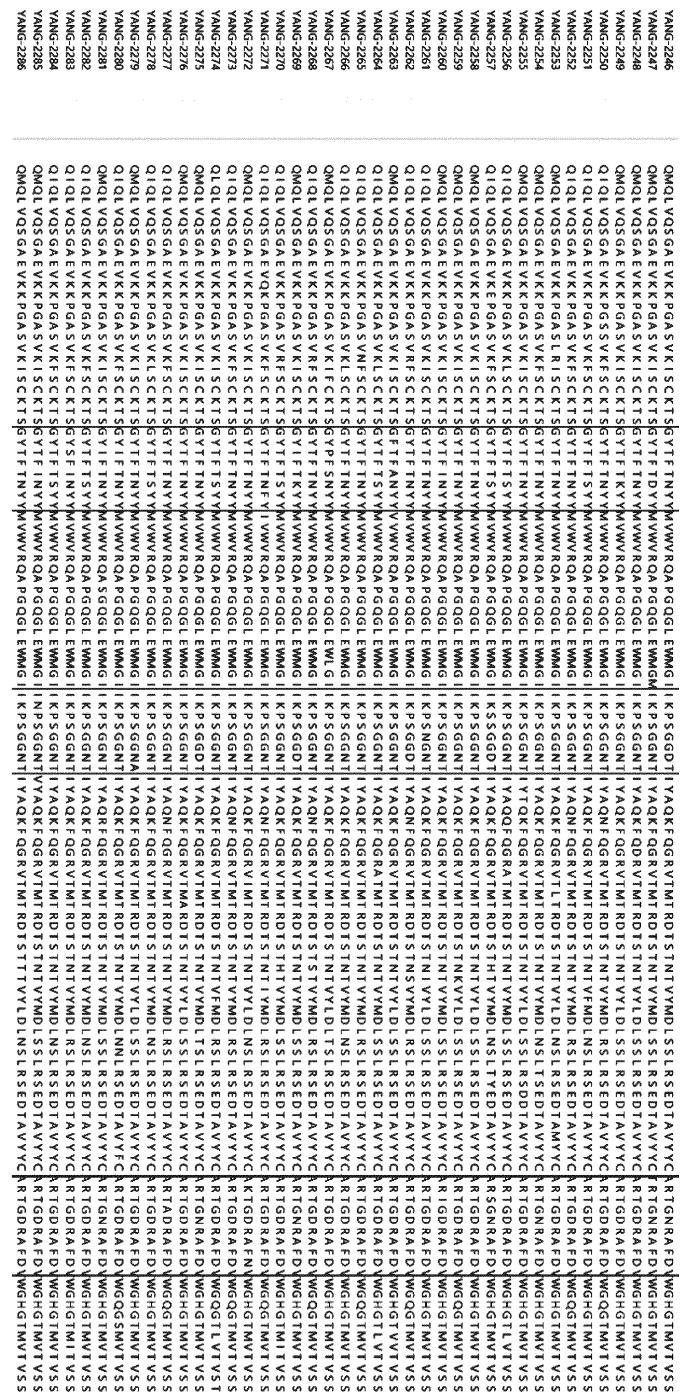
도면22



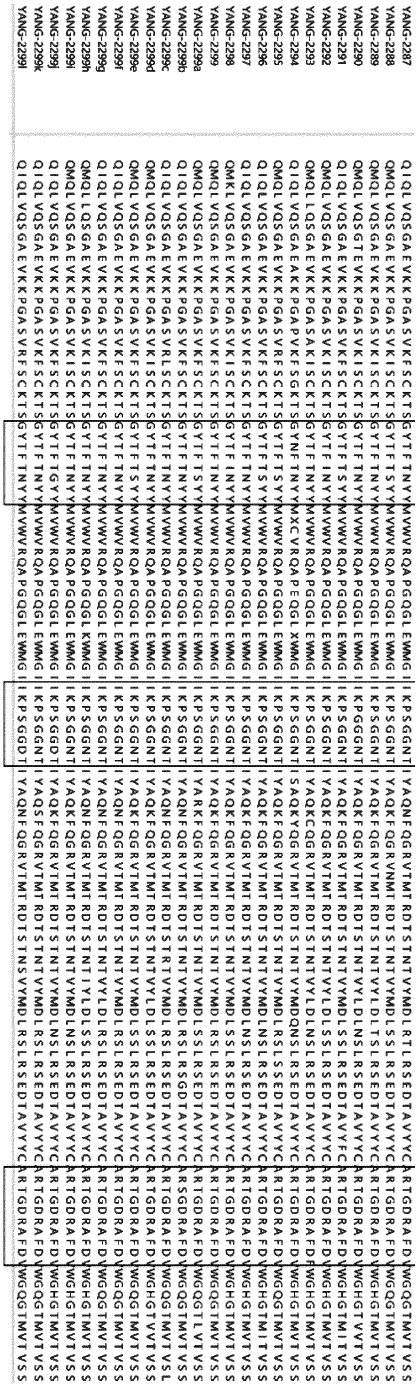
도면23a



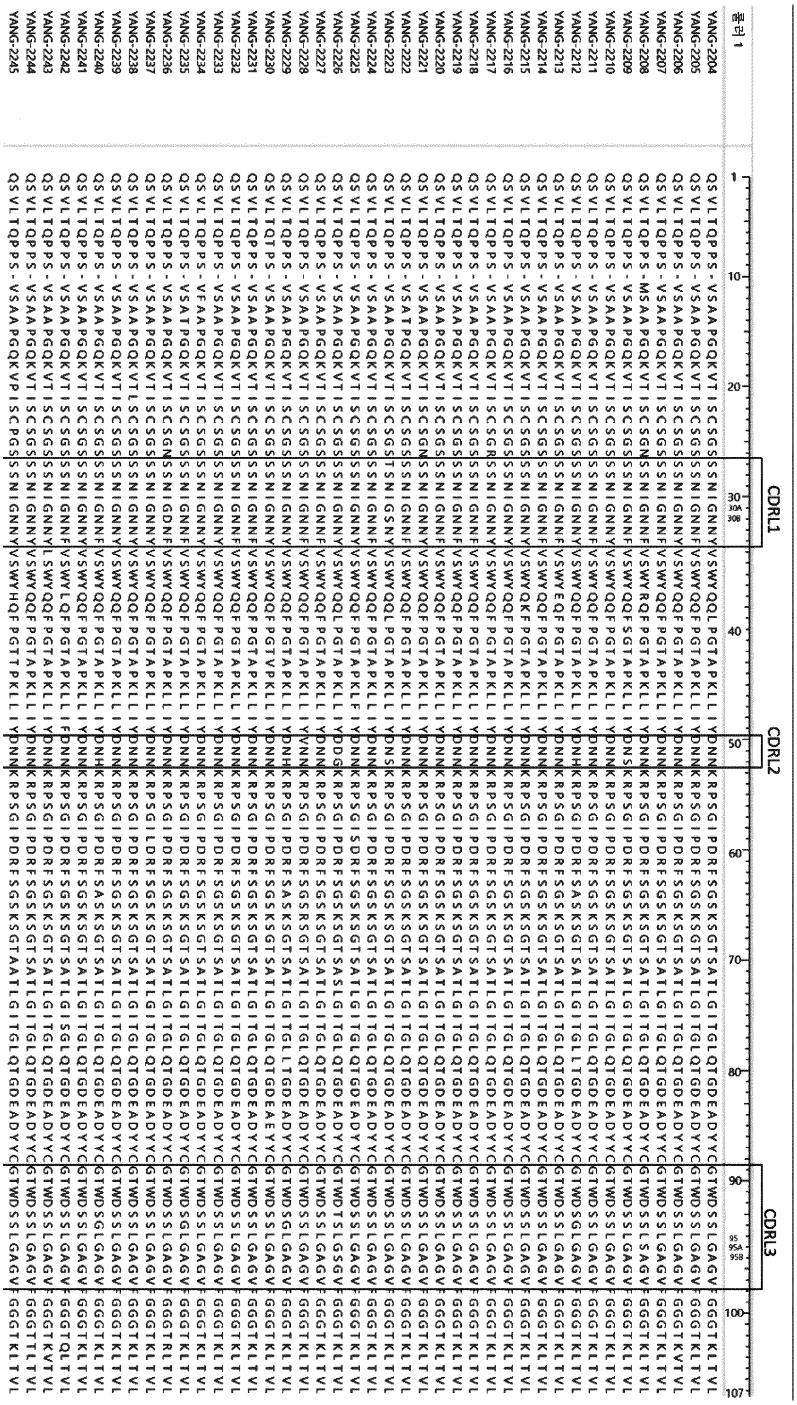
도면23b



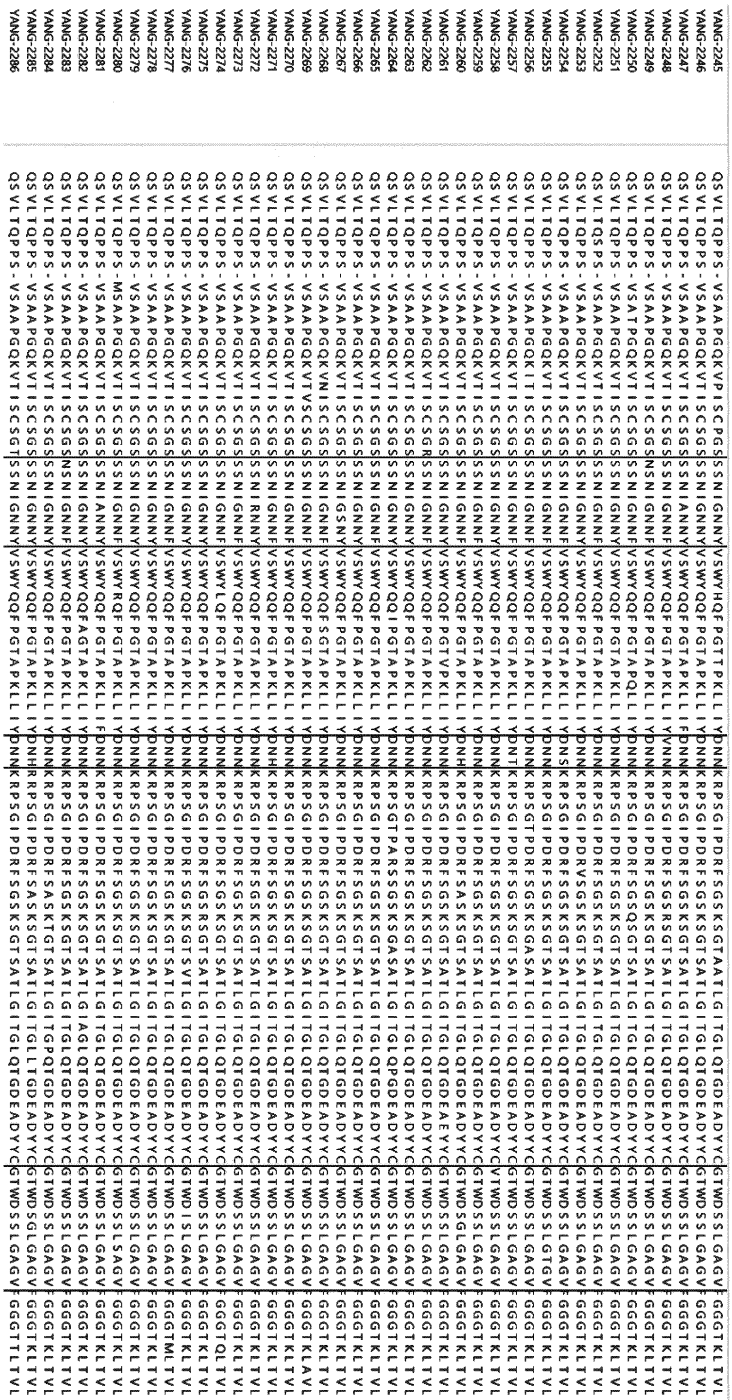
도면23c



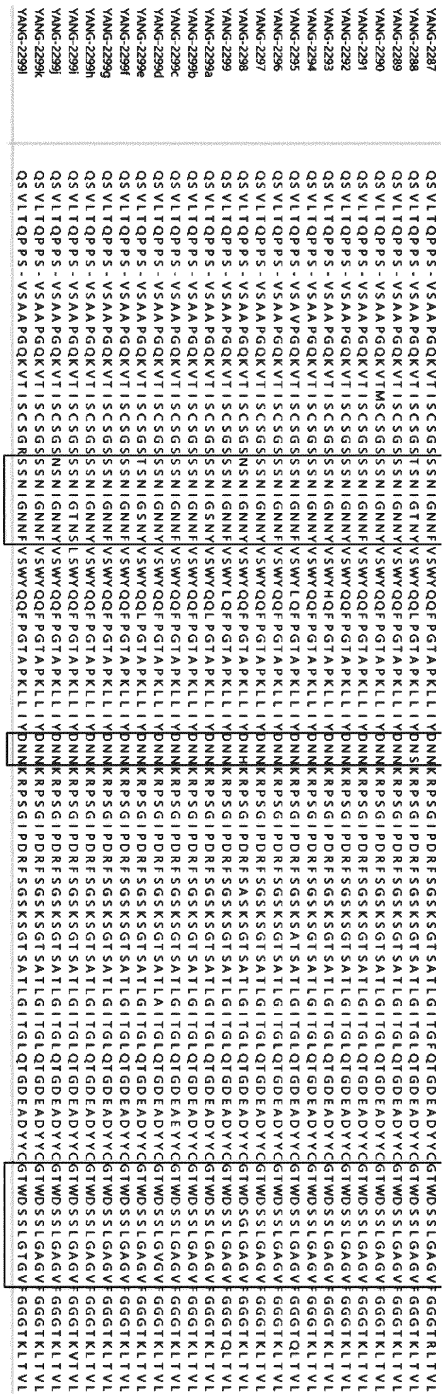
도면24a



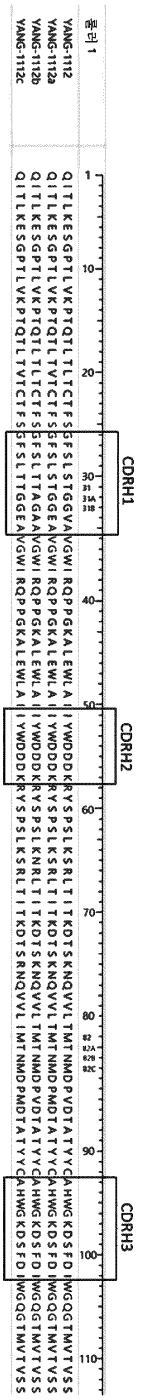
도면24b



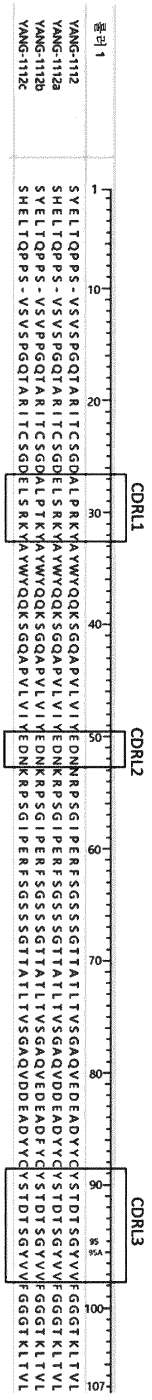
도면24c



도면25


폴리 1
YANG-1112
YANG-1112a
YANG-1112b
YANG-1112c
CDRH1
CDRH2
CDRH3

도면26



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> Kymab Limited

<120> Antibodies and Uses Thereof

<130> 025077.00402

<150> GB2017058.5

<151> 2020-10-27

<160> 2370

<170> BiSSAP 1.3.6

<210> 1

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggggt caccgtcagt agcaactaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggaggg ggtctcagtt atttatagtg gtggtaccac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatacggtg 300

gtctacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 2

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Val Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Gly Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Thr Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Thr Val Val Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 3

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Gly Val Thr Val Ser Ser Asn Tyr

1 5

<210> 4

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Ile Tyr Ser Gly Gly Thr Thr

1 5

<210> 5

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

Ala Arg Asp Thr Val Val Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 6

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 6

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatact gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 7

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Thr Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 8

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 8

Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

1 5

<210> 9

<400> 9

000

<210> 10

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 11

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 11

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggtt caccgtcagt agcaactaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagaac cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgcg agatctagtg 300

gcttacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 12

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Leu Val Ala Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 13

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 13

Gly Phe Thr Val Ser Ser Asn Tyr

1 5

<210> 14

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 14

Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 15

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Ala Arg Asp Leu Val Ala Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 16

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 16

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaaggtcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacta cttaatagta acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 17

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Val Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Leu Leu Asn Ser Asn Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 18

<400> 18

000

<210> 19

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400>

19

Gln Leu Leu Asn Ser Asn Pro Leu Thr

1 5

<210> 20

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 20

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaagct 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggtag cataggctat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaagac acggccttat attactgtgc aaaagatttg 300

ggactgggga ttggcttcta ttacggtttg gacgtctggg gccaggggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 21

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gly Ile Gly Phe Tyr Tyr Gly Leu Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 22

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 22

Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr Ala

1 5

<210> 23

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile

1 5

<210> 24

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 24

Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gly Ile Gly Phe Tyr Tyr Gly Leu Asp Val

1 5 10 15

<210> 25

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 25

gccatccaaa tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgatttag gctggtatca gcagaagcca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgat gcatccactt tacaaagtgg ggtcccatcg 180

aggttcagcg gcagtggatc tggcacagat ttcactctca ccctcagcag cctggagcct 240

gaagatttag caacttatta ctgtctacat cactacactt acccgtggac gttcggccat 300

gggaccaagg tggaactcaa a 321

<210> 26

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 26

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp
20 25 30

Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

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

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

Glu Asp Leu Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu His His Tyr Thr Tyr Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly His Gly Thr Lys Val Glu Leu Lys
100 105

<210> 27

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

Gln Gly Ile Arg Asn Asp
1 5

<210> 28

<400> 28

000

<210> 29

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Leu His His Tyr Thr Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 30

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 30

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctggata cagctttacc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccaggaac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 31

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Asn Ser Pro Ser Phe

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 32

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 32

Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr Trp

1 5

<210> 33

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr

1 5

<210> 34

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 34

Ala Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 35

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 35

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg cagcttatta ctgtcaacag tttattagtt atccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 36

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 36

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

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

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 37

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

Gln Gly Ile Ser Ser Ala
1 5

<210> 38

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 38

Gln Gln Phe Ile Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 39

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 39

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agttatggtt actactggag ctggatccgc 120

cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180

tacaacccgt ccctcaagag tcgagctacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagctc 240

tccctgaggc tgaactctgt cagtgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagac 300

ttcggtggta actcgaacta ctttgactac tggggccagg gaagcctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 40

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 40

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Ala Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Leu

65 70 75 80

Ser Leu Arg Leu Asn Ser Val Ser Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Phe Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Ser Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 41

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr Gly Tyr Tyr

1 5 10

<210> 42

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 42

Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 43

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

Ala Arg Asp Phe Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 44

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 44

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtctcc 60

atcacttgcc gggcaagtca ggtcattagt agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatttta caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccacgg tggagatcaa a 321

<210> 45

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

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

Asp Arg Val Ser Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Val Ile Ser Ser Ala
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Thr Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 46

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 46

Gln Val Ile Ser Ser Ala
1 5

<210> 47

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 48

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 48

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agttatggtt actactggag ctggatccgc 120

cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180

tacaacccgt ccctcaagag tcgagctacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagctc 240

tccctgaggc tgaactctgt cagtgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagac 300

ttcggtggta actcgaacta ctttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 49

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Ala Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Leu

65 70 75 80

Ser Leu Arg Leu Asn Ser Val Ser Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Phe Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 50

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 50

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagggtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

ggtaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatttta caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 51

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Thr Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 52

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 52

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc cgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggtt caccgtcagt agcatctaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcaatt atttatagcc gtggtagtac agactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacattt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatgggact 300

atggttcggg gagttcatgc ttttgatatc tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 360

tca 363

<210> 53

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Ile

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ile Ile Tyr Ser Arg Gly Ser Thr Asp Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ile Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Gly Thr Met Val Arg Gly Val His Ala Phe Asp Ile Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 54

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 54

Gly Phe Thr Val Ser Ser Ile Tyr

1 5

<210> 55

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 55

Ile Tyr Ser Arg Gly Ser Thr

1 5

<210> 56

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 56

Ala Arg Asp Gly Thr Met Val Arg Gly Val His Ala Phe Asp Ile

1 5 10 15

<210> 57

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 57

gacatccaga tgacccagtc tccaccctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180

aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcaa cctgcagcct 240

gaagatattg taacatatta ctgtcaacag tatgataatc tcccgagcag ttttggccag 300

gggaccaagc tggagatcaa a 321

<210> 58

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 58

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Val Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asn Leu Pro Ser

85 90 95

Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 59

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

1 5

<210> 60

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 60

Gln Gln Tyr Asp Asn Leu Pro Ser Ser

1 5

<210> 61

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 61

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tacactgggt ccggcaagct 120

ccagggaagg gcctggaatg ggtctcaggt attacttgga atagtggtag cataggctat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaggat acggccttgt attactgtgc aaaagatctc 300

caggggggact actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 62

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 62

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Thr Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 63

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Ile Thr Trp Asn Ser Gly Ser Ile
1 5

<210> 64

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 64

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 65

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 65

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggctagtca ggacattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaagca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat ggctccagtt ttaaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtagatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttattagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaggg tggagatcaa a 321

<210> 66

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 66

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Ala Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Gly Ser Ser Phe Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Arg Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 67

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Gln Asp Ile Ser Ser Ala

1 5

<210> 68

<400> 68

000

<210> 69

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

Gln Gln Phe Ile Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 70

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 70

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctggata cagctttacc atctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 71

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 71

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ile Tyr

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 72

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 72

Gly Tyr Ser Phe Thr Ile Tyr Trp

1 5

<210> 73

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 73

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattaac agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaaactc ctaaactcct aatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 74

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 74

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Thr Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 75

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Gln Gly Ile Asn Ser Ala

1 5

<210> 76

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 76

Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 77

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 77

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc aggagtacct ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctctc atagtgggag cacccagtac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcactagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gggagagggg 300

tataactgga actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 78

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 78

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Ser His Ser Gly Ser Thr Gln Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Glu Gly Tyr Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 79

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 79

Gly Gly Ser Ile Ser Arg Ser Thr Trp
1 5

<210> 80

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 80

Ile Ser His Ser Gly Ser Thr
1 5

<210> 81

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 81

Ala Gly Glu Gly Tyr Asn Trp Asn Tyr

1 5

<210> 82

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 82

gatgttgtaa tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taagtgggac 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgagga tgttgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 83

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 83

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

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Lys Trp Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 84

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 84

Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr

1 5 10

<210> 85

<400> 85

000

<210> 86

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 86

Met Gln Gly Thr His Trp Pro Leu Thr

1 5

<210> 87

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 87

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctgaata cagatttacc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 88

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 88

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

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Glu Tyr Arg Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

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

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 89

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 89

Glu Tyr Arg Phe Thr Ser Tyr Trp
1 5

<210> 90

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 90

gccatccagt tgacccagtc tccttcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc ggccaagtca gggcattagc agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaacctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaggattttg caacttatta ctgtcaacag tttaaaagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 91

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 91

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Pro Ser Gln Gly Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Lys Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 92

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 92

Gln Gly Ile Ser Ser Gly

1 5

<210> 93

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 93

Gln Gln Phe Lys Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 94

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 94

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaatct 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggttc cataggctat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaggac acggccttgt attactgtgc aaaagatctc 300

caggggggacg actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 95

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 95

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Met His Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 96
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 96
Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 97
<211> 321
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 97
gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagctc ctaagctcct gatctttgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg cagcttttta ctgtcaacag tttattagtt acccgctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 98
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 98
Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Phe Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Ala Phe Tyr Cys Gln Gln Phe Ile Ser Tyr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 99
<211> 363
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 99
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agttatggtt tctactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggttcatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagctacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagctc 240
tccctgaggc tgaactctgt cagtgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagac 300

ttcggtggta actcgaacta ctttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363
<210> 100
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 100
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Phe Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Phe Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Ala Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Leu

65 70 75 80

Ser Leu Arg Leu Asn Ser Val Ser Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Phe Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 101

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 101

Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr Gly Phe Tyr

1 5 10

<210> 102

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 102

gccatccaat tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcgt ctgttggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctcagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatcg 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 103

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 103

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

20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Gln Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 104

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 104

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggtt caccgtcagt agcaactata tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtttctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggactcg gccgtgtatt actgtgcgag agatttggga 300

ccctacggtg tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 105

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 105

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

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

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
50 55 60

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

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

Arg Asp Leu Gly Pro Tyr Gly Val Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 106

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 106

Ala Arg Asp Leu Gly Pro Tyr Gly Val Asp Val
1 5 10

<210> 107

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 107

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaagag cttaatagtt accctctcac cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 108

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 108

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

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

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

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

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 109

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 109

Gln Glu Leu Asn Ser Tyr Pro Leu Thr
1 5

<210> 110

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 110

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaagtga taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gaaaacagtg 300

gctggttatt actactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaagggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 111

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 111

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Thr Val Ala Gly Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 112

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 112

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly

1 5

<210> 113

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 113

Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asp Lys

1 5

<210> 114

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 114

Ala Lys Thr Val Ala Gly Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 115

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 115

gacatccaga tgacccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctgttggaga cagagtcacc 60

gtcacttgtc gggcgagtca ggatattagt agctggttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaaattcct gatctatgat gcatccaatt tggaaaatgg agtcccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcaccctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttacta ttgtcaacaa gctaaaagtt tcccgtggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa c 321

<210> 116

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 116

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

Asp Arg Val Thr Val Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Ser Trp
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Phe Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Asn Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Lys Ser Phe Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Asn
100 105

<210> 117

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 117

Gln Asp Ile Ser Ser Trp
1 5

<210> 118

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 118

Gln Gln Ala Lys Ser Phe Pro Trp Thr
1 5

<210> 119

<211> 381

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 119

caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120

actggccaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta tcagtggtaa cacaggctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagaaaca cctccataag cacagcctac 240

atggagctga acagcctgag atctgaggac acggccgtgt atttctgtgc gagaggcggg 300

cgatattgta gtggtgttag ctgctactcc ggagagcctt ttgactactg gggccaggga 360

accctggtca ccgtctcctc a 381

<210> 120

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 120

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Met Asn Pro Ile Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asn Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Cys Ser Gly Val Ser Cys Tyr Ser Gly Glu

100 105 110

Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 121

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 121

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Asp

1 5

<210> 122

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 122

Met Asn Pro Ile Ser Gly Asn Thr

1 5

<210> 123

<211> 20

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 123

Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Cys Ser Gly Val Ser Cys Tyr Ser Gly Glu

1 5 10 15

Pro Phe Asp Tyr

20

<210> 124

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<

400> 124

gaaattgtgc tgactcagtc tccagacttt cagtctgtga ctccaaagga gaaagtcacc 60

atcacctgcc gggccagtca gagcattggt agtagcttac actggtacca gcagaaacca 120

gatcagtctc caaagctcct catcaagtat gcttcccagt ccatctcagg ggtcccctcg 180

aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcaccctca ccatcaatag cctggaagct 240

gaagatgctg cagcgtatta ttgtcatcag agtagtagtt tacctcacac tttcggccct 300

gggaccaaag tggagatcaa a 321

<210> 125

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 125

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

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Ala
65 70 75 80
Glu Asp Ala Ala Ala Tyr Tyr Cys His Gln Ser Ser Ser Leu Pro His
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 126

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 126

Gln Ser Ile Gly Ser Ser
1 5

<210> 127

<400> 127

000

<210

> 128

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 128

His Gln Ser Ser Ser Leu Pro His Thr

1 5

<210> 129

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 129

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc agtaataact ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatcgatc atagtgggag caccatgtac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtac gggagagggg 300

tataactgga actactgggg ccaggggacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 130

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 130

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Asp His Ser Gly Ser Thr Met Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Gly Glu Gly Tyr Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 131

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 131

Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn Asn Trp

1 5

<210> 132

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 132

Ile Asp His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 133

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 133

Thr Gly Glu Gly Tyr Asn Trp Asn Tyr

1 5

<210> 134

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 134

gttgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctccta tacactgatg gaaacaccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggac 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgaaga tgttgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 135

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 135

Val Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 136

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 136

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Asp Gly Asn Thr Tyr

1 5 10

<210> 137

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 137

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctgataaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc agtaatacct ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggag caccatgtac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagttga actctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtac gggagagggg 300

cataactgga actactgggg ccaggggacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 138

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 138

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Met Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Gly Glu Gly His Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 139

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 139

Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn Thr Trp

1 5

<210> 140

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 140

Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 141

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 141

Thr Gly Glu Gly His Asn Trp Asn Tyr

1 5

<210> 142

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400

> 142

gatgttgtgt tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacactgatg gaaacaccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggaa 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgaaga tgttgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 143

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 143

Asp Val Val Leu Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly
1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Thr
20 25 30
Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser
35 40 45
Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Glu Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 144

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 144

Gln Ser Leu Val Tyr Thr Asp Gly Asn Thr Tyr

1 5 10

<210> 145

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 145

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaagct 120
ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggtag cataggttat 180
gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240
ctgcaaatga acagtctgag agttgaggac acggccttgt attactgtgc aaaagatctc 300

caggggact actactacta cggtgtggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 146

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 146

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

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

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

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 147

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 147

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val
1 5 10 15

<210> 148

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 148

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaacctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggtaagtgg ggtcccatca 180

agattcagcg gcagtagatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcaacct 240

gaggattttg caacttatta ctgtcaacag tttattagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaggg tggagatcaa a 321

<210> 149

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 149

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Val Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Arg Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 150

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 150

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaggtaa taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attctaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagttaat 300

gtactaatgg gctacggtat ggacgtctgg ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 360

<210> 151

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 151

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

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

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

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Gly Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Arg Val Asn Val Leu Met Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 152

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 152

Ile Trp Tyr Asp Gly Gly Asn Lys

1 5

<210> 153

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 153

Ala Arg Val Asn Val Leu Met Gly Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 154

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 154

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga taaagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtatcatc agcagcttct tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggaa 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 155

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 155

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Asp Lys Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ile Ser Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 156

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 156

Gln Ser Ile Ile Ser Ser Phe

1 5

<210> 157

<400> 157

000

<210> 158

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 158

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Leu Thr

1 5

<210> 159

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 159

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggat caccgtcagt agcaactaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtactac aaactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatacggtg 300

gtctacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 160

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 160

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Ile Thr Val Ser Ser Asn
20 25 30

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

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Thr Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
50 55 60

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

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

Arg Asp Thr Val Val Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 161

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 161

Gly Ile Thr Val Ser Ser Asn Tyr
1 5

<210> 162

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 162

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtc acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 163

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 163

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser His Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 164

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 164

Gln Gln Leu Asn Ser His Pro Leu Thr

1 5

<210> 165

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 165

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaagct 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggtag cataggctat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaggac acggccttgt attactgtgc aaaagatctc 300

caggggggacg actactacta cggtgtggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 166

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 166

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 167

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 167

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val

1 5 10 15

<210> 168

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 168

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca ggacattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtagatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcaacct 240

gaagattttg caaattatta ctgtcaacag tttattagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 169

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 169

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Ile Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 170

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 170

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc cgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag ccgctgggtt aaccgtcagt agcaactata tgaactgggt ccgccaggtt 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gtctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatctgggt 300

accctgggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 171

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 171

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ala Gly Leu Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Val Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Leu Gly Thr Leu Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 172

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 172

Gly Leu Thr Val Ser Ser Asn Tyr

1 5

<210> 173

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 173

Ala Arg Asp Leu Gly Thr Leu Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 174

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 174

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc acttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcagagcgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcagcag cttaacagtt accttccgac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 175

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 175

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Thr Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Leu Pro

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 176

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 176

Gln Gly Ile Ser Thr Tyr

1 5

<210> 177

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 177

Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Leu Pro Thr
1 5

<210> 178
<211> 372
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 178

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtaaagc ctgggggtc ccttagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cactttcagt aacgcctgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggttggccgt attaaaaaca aagctgatgg tgggacaaca 180
gactacgctg cacccgtgaa aggcagattc accatctcaa gagatgattc aaaaaacacg 240

ttgtatctgc aaatgaacag cctgaaaacc gaggacacag ccgtgtatta ctgtaccaca 300
gaggaattac tatggttcgg ggagtcgccc tttgactgct ggggccaggg aaccctggtc 360
accgtctcct ca 372

<210> 179
<211> 124
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 179

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

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Lys Asn Lys Ala Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala
50 55 60
Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Thr Thr Glu Glu Leu Leu Trp Phe Gly Glu Ser Pro Phe Asp

100 105 110

Cys Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 180

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 180

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala Trp

1 5

<210> 181

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 181

Ile Lys Asn Lys Ala Asp Gly Gly Thr Thr

1 5 10

<210> 182

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 182

Thr Thr Glu Glu Leu Leu Trp Phe Gly Glu Ser Pro Phe Asp Cys

1 5 10 15

<210> 183

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 183

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattaac agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagatttta caacttatta ctgtcaacaa tttaatgatt accctcggac gttcggccca 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 184

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 184

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Asn Ser Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

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

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

Glu Asp Phe Thr Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Asp Tyr Pro Arg
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 185

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 185

Gln Gly Ile Asn Ser Tyr
1 5

<210> 186

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 186

Gln Gln Phe Asn Asp Tyr Pro Arg Thr

1 5

<210> 187

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 187

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaagct 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attacttgga atagtggtag cataggttat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcacatga acagtctgag agttgaggac acggccttgt attactgtgc aaaagatctc 300

caggggggact actactacta cggtgtggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 188

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 188

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Thr Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu His Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 189

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 189

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaagcca 120

gggaaagctc ctaaactcct gctctatgat gcctccagtt tggtaagtgg ggtcccatca 180

agattcagcg gcagtagatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcaacct 240

gaggattttg caacttatta ctgtcaacag tttattagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaggg tggagatcaa a 321

<210> 190

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 190

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Leu

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Val Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Arg Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 191

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 191

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctggata cagctttagc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga aaccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 192

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 192

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Glu Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 193

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 193

Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Tyr Trp

1 5

<210> 194

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 194

Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Glu Thr

1 5

<210> 195

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 195

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtagggga cagagtcatc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ttaaactcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcaccag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttagtagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 196

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 196

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Ile Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Thr Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Ser Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 197

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 197

Gln Gln Phe Ser Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 198

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 198

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctggata cagctttacc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgt gaggtcgtat 300

aattggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 199

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 199

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30
Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60
Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 200

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 200

Val Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 201

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 201

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtggtttag cctggtatca gcagaaagca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gtctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttcttagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 202

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 202

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Ala Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Val Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Leu Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 203

<400> 203

000

<210> 204

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 204

Gln Gln Phe Leu Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 205

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 205

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctcgggtgg ctccatcagc agaagtacct ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctctc atagtgggag taccaaatac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga gctctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gggagagggg 300

tctaactgga gttactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 206

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 206

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Ser His Ser Gly Ser Thr Lys Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Glu Gly Ser Asn Trp Ser Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 207

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 207

Ala Gly Glu Gly Ser Asn Trp Ser Tyr

1 5

<210> 208

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 208

gatgttgtga tgactcagtc tccacactcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacacata tttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taaatgggac 180

gctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgagga tattgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag ctcaaa 336

<210> 209

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 209

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

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Lys Trp Asp Ala Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Ile Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Leu Lys
100 105 110

<210> 210
<211> 348
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 210
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60
acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc agtagtaact ggtggagttg ggtccgccag 120
cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggag caccatgtac 180
aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240
ctgaagctga gctctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtac gggagagggg 300
tataactgga actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 211
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 211
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser
20 25 30
Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Met Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Gly Glu Gly Tyr Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110
Thr Val Ser Ser
115

<210> 212
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 212
Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 213
<211> 336
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 213
gatgttgtgt tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60
atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgagttgg 120
tttcaacaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggac 180
tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggct ctgatttcac actgaagatc 240
agcagggtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300
ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 214
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 214
Asp Val Val Leu Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly
1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser
20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 215

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 215

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaaac cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctcgggtgg ctccatcagc agaagtacct ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggag caccaaatac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga gctctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtgc gggagagggg 300

tctaactgga gctactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 216

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 216

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Ser

20 25 30

Thr Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Lys Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80
Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Gly Glu Gly Ser Asn Trp Ser Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110
Thr Val Ser Ser
115

<210> 217
<211> 336
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 217
gatgttgtga tgactcagtc tccagtctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcata tacagtgatg gaaacaccta cttgagttgg 120
tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggac 180
tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240
agcagggtgg aggctgagga tattgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300
ctcactttcg gcggagggac caaggtggag ctcaaa 336

<210> 218
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 218
Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Val Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Ile Tyr Ser
20 25 30
Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Ile Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Leu Lys

100 105 110

<210> 219

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 219

Gln Ser Leu Ile Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr

1 5 10

<210> 220

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 220

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggggt caccgtcagt agcaactaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac attctacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatctctcc 300

tactacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 221

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 221

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Val Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Leu Ser Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 222

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 222

Ala Arg Asp Leu Ser Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 223

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 223

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aaattcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtt acccgtgcag ttttggccag 300

gggaccaagc tggagatcaa a 321

<210> 224

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 224

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

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

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

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

Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 225

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 225

Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Cys Ser
1 5

<210> 226

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 226

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc agtaataagt ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatcgatc atagtgggag caccatgtac 180

aacccgtccc tcaagagccg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtac gggagagggg 300

tataactgga actactgggg ccaggggacc cgggtcaccg tctcctca 348

<210> 227

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 227

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn

20 25 30

Lys Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Asp His Ser Gly Ser Thr Met Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Gly Glu Gly Tyr Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Arg Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 228

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 228

Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn Lys Trp

1 5

<210> 229

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 229

gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gacggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctccta tacactgatg gaaataccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taagtgggaa 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgaaga tgttgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 230

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 230

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

1 5 10 15

Gln Thr Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Lys Trp Glu Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 231

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 231

gatgttgtgc tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gacggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacactgatg gaaataccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taagtgggaa 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac cctgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgaaga tgttgggatt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac catggtggag atcaca 336

<210> 232

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 232

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

Gln Thr Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Thr
20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser
35 40 45

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

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

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

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Met Val Glu Ile Thr
100 105 110

<210> 233

<211> 381

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 233

caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120

actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagaaaca cctccataag cacagcctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt atttctgtgc gagaggcggg 300

cgatattgta gtgatgttag ctgctactcc ggagagcctt ttgactactg gggccaggga 360

accctggtca ccgtctcctc a 381

<210> 234

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 234

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asn Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Cys Ser Asp Val Ser Cys Tyr Ser Gly Glu
100 105 110

Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 235

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 235

Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr

1 5

<210> 236

<211> 20

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 236

Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Cys Ser Asp Val Ser Cys Tyr Ser Gly Glu

1 5 10 15

Pro Phe Asp Tyr

20

<210> 237

<211

> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 237

gaaattgtgc tgactcagtc tccagacttt cagtctgtga ctccaaagga gaaagtcacc 60

atcacctgcc gggccagtca gagcattggt agtagcttac actggttcca gcagaaacca 120

gatcagtctc caaagctcct catcaagtat acttcccagt ccatctcagg ggtcccctcg 180

aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcaccctca ccatcaatag cctggaagct 240

gaagatgctg cagcgtatta ttgtcatcag agtagtagtt tacctcacac tttcggccct 300

gggaccaaag tggagatcaa a 321

<210

> 238

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 238

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Asp Phe Gln Ser Val Thr Pro Lys

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Gly Ser Ser

20 25 30

Leu His Trp Phe Gln Gln Lys Pro Asp Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Lys Tyr Thr Ser Gln Ser Ile Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Ala

65 70 75 80

Glu Asp Ala Ala Ala Tyr Tyr Cys His Gln Ser Ser Ser Leu Pro His

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 239

<400> 239

000

<210> 240

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 240

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggggt caccgtcagt agcaactata tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtttctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggactcg gccgtgtatt actgtgcgag agatttggga 300

ccctacggtg tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 241

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 241

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Val Thr Val Ser Ser Asn
20 25 30
Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe Leu
65 70 75 80
Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Asp Leu Gly Pro Tyr Gly Val Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 242
<211> 354
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 242

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagtagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60
tcctgtaagg gttctggata cagctttacc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120
cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180
agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag taccgcctac 240
ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300
aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 243
<211> 118
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 243
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Val Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 244
<211> 321
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400
> 244
gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagctc ctgagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacttatta ctgtcaacag ttttatagtt acccttggac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa a 321
<210> 245
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 245
Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Tyr Ser Tyr Pro Trp
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 246
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 246
Gln Gln Phe Tyr Ser Tyr Pro Trp Thr
1 5

<210> 247

<211> 372
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 247
cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt aatagtaatt actactgggg ctggatccgc 120
cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gagaacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagtcacc atatccgtag acacgtccaa gaaccagttc 240
tccctgaagt tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattactg tgcgagaatg 300
ggattactat ggttcgggga gttctacggt atggacgtct ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 248

<211> 124

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 248

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Asn Ser
20 25 30

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

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Arg Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Met Gly Leu Leu Trp Phe Gly Glu Phe Tyr Gly Met Asp
100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 249

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 249

Gly Gly Ser Ile Ser Asn Ser Asn Tyr Tyr
1 5 10

<210> 250

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 250

Ile Tyr Tyr Ser Gly Arg Thr

1 5

<210> 251

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 251

Ala Arg Met Gly Leu Leu Trp Phe Gly Glu Phe Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 252

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 252

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc agctggttag cctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaagtccct gatctatgat gcatccagtt tacaaagagg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg catcttatta ctgccaacag tataatagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaggg tggagatcaa a 321

<210> 253

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 253

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Gln Arg Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Ser Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Arg Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 254

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 254

Gln Gly Ile Ser Ser Trp

1 5

<210> 255

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 255

Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 256

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 256

gaggtgcaac tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggct caccgtcagt agcaactaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcaatt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag gctaggggg 300

tactactact acggtatgga cgtctggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 257

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 257

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Val Ser Ser Asn
20 25 30

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

Ser Ile Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
50 55 60

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

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

Arg Leu Gly Gly Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 258

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 258

Ala Arg Leu Gly Gly Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
1 5 10

<210> 259

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 259

gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga aagagtcacc 60

atcacttgcc aggcgagtca ggacattaga aactatttaa attggtatca gaagaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat tcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180

aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgataatc tcccgatcac cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 260

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 260

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ser Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asn Leu Pro Ile

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 261

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 261

Gln Asp Ile Arg Asn Tyr

1 5

<210> 262

<400> 262

000

<210> 263

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 263

Gln Gln Tyr Asp Asn Leu Pro Ile Thr

1 5

<210> 264

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 264

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctggata cagctttacc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 265

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 265

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ser Tyr Asn Trp Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 266
<211> 321
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 266
gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgttggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattagt agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gtctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttcttagtt acccttggac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 267
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 267
Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Val Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Leu Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 268

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 268

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggggt caccgtcagt agcaactaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggaggg ggtctcagtt atttatagtg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatacggtg 300

gtctacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 269

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 269

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Val Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Gly Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Thr Val Val Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 270

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 270

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 271

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 271

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 272

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 272

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agttatggtt actactggaa ctggatccgc 120

cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180

tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagctc 240

tccctgaggc tgaactctgt cagtgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagac 300

ttcggtggta actcgaacta ctttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 273

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 273

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Leu

65 70 75 80

Ser Leu Arg Leu Asn Ser Val Ser Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Phe Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 274

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 274

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc ggacaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca acagaaacca 120

gggaaagctc ctaaactcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 275

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 275

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Thr Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 276

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 276

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaaactcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caatttatta ctgtcaacag tttaatagtt atccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 277

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 277

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Ile Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 278

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 278

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agttatggtt actactggag ctggatccgc 120

cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt ggatacatct attacagtgg gagcacctac 180

tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atgtcagttg acacgtctaa gaaccagctc 240

tccctgaggc tgaactctgt cagtgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagac 300

ttcggtggta actcgaacta ctttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 279

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 279

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Leu

65 70 75 80

Ser Leu Arg Leu Asn Ser Val Ser Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Phe Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 280

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 280

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaacctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt cccctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 281

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 281

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 282

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 282

Gln Gln Phe Asn Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 283

<211> 381

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 283

caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120

actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagagaca cctccataaa cacagcctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt atttctgtgc gagaggcggg 300

cgatattgta gtgatgttac ctgctactcc ggagagcctt ttgactactg gggccaggga 360

accctggtca ccgtctcctc a 381

<210> 284

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 284

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Cys Ser Asp Val Thr Cys Tyr Ser Gly Glu

100 105 110

Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 285

<211> 20

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 285

Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Cys Ser Asp Val Thr Cys Tyr Ser Gly Glu

1 5 10 15

Pro Phe Asp Tyr

20

<210> 286

<211>

321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 286

gaaattatgc tgactcagtc tccagacttt cagtctgtga ctccaaagga gaaagtcacc 60

atcacctgcc gggccagtca gagcattggt agtagcttac actggtacca gcagaaacca 120

gatcagtctc caaaactcct catcaagttt gcttcccagt ccatctcagg ggtcccctcg 180

aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcaccctca ccatcaatag cctggaagct 240

gaagatgctg cagcgtatta ttgtcatcag agtagtagtt tacctcacac tttcggccct 300

gggaccaaag tggagatcaa a 321

<210>

287

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 287

Glu Ile Met Leu Thr Gln Ser Pro Asp Phe Gln Ser Val Thr Pro Lys

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Gly Ser Ser

20 25 30

Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Lys Phe Ala Ser Gln Ser Ile Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Ala

65 70 75 80

Glu Asp Ala Ala Ala Tyr Tyr Cys His Gln Ser Ser Ser Leu Pro His

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 288

<400> 288

000

<210> 289

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 289

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gtctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttcttagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 290

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 290

gaggtgcaac tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggct caccgtcagt agcaactaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcaatt atttatagcg gtggtagcac atactatgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag gctaggggg 300

tactactact acggtatgga cgtctggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 291

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 291

gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga aagagtcacc 60

atcacttgcc aggcgagtca ggacattaga aactatttaa attggtatca gaagaaacca 120

gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat tcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180

aggttcagtg gaggtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgataatc tcccgatcac cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 292

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 292

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ser Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Gly Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asn Leu Pro Ile

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 293

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 293

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggagac ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaagct 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggtag cataggctat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaggac acggccttgt attactgtgc aaaagatctc 300

caggggggact actactacta cggtgtggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 294

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 294

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gln Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 295

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 295

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaatca 120

ggaaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tgggaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtagatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcaacct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttattagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 296

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 296

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Gly Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Arg Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 297

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 297

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggtt caccgtcagt agcaactaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agactacggt 300

gacctatact ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 298

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 298

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Tyr Gly Asp Leu Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 299

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 299

Ala Arg Asp Tyr Gly Asp Leu Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 300

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 300

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtattagc agctacttag cctggtacca gcagaaacct 120

ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcatccagca gggccactgg catcccagac 180

aaattcagtg gcagtgggtc tgggacagac ttcactctca ccatcagcag actggagcct 240

gaagattttg cagtgtatta ctgtcagcag tatggtagct cacctcggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 301

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 301

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Lys Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 302

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 302

Gln Ser Ile Ser Ser Tyr

1 5

<210> 303

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 303

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg Thr

1 5

<210> 304

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 304

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtga ctccatcagc cgtggtggtt tctactggag ctggatccgc 120

cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180

tacaacccgt ccctcaaggg tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgacctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagac 300

tacggtggta actcgaacta ctttgactac tggggccagg ggaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 305

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 305

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Arg Gly
20 25 30

Gly Phe Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60

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

Ser Leu Lys Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Tyr Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 306

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 306

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

<210> 307

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 307

Ala Arg Asp Tyr Gly Gly Asn Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 308

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 308

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caccttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcag g 321

<210> 309

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 309

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Pro Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Arg

100 105

<210> 310

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 310

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattaac aatggtttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gtctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggagagat tccactctca ccatcagcag tctgcagtct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaaaagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 311

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 311

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Asn Gly

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Val Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Asp Ser Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Lys Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 312

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 312

Gln Gly Ile Asn Asn Gly

1 5

<210> 313

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 313

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcaa cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 314

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 314

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 315

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 315

caggtgcagc tacaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc agtaataact ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggag caccatgtac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtac gggagagggg 300

tctaactgga actactgggg ccaggggacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 316

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 316

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Asn

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Met Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Gly Glu Gly Ser Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 317

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 317

Thr Gly Glu Gly Ser Asn Trp Asn Tyr

1 5

<210> 318

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 318

gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tatactgatg gaaacaccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctacttt ataaggtttc taactgggac 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgaaga tgttgggatt tattattgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 319

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 319

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

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Thr

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Leu Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 320

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 320

gatgttgtaa tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taagtgggac 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 321

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 321

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

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Lys Trp Asp Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 322
<211> 321
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 322
gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaac agtggtttag cctggtatca gcagaaacca 120
gggaaaggtc ttaagctcct gatctatgat gtctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggagagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaaaagtt acccttggac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 323
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 323
Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Ser Gly
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Gly Leu Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Val Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Lys Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 324

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 324

Gln Gly Ile Asn Ser Gly

1 5

<210> 325

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 325

gaagtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcca tgcactgggt ccggcaaact 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggtag cataggctat 180

gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaagac acggccttat attactgtac aaaagatttg 300

ggactgggga ttggcttcta ctacggtttg gacgtctggg gccaggggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 326

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 326

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr
20 25 30
Ala Met His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Lys Asp Leu Gly Leu Gly Ile Gly Phe Tyr Tyr Gly Leu Asp Val
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 327
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 327
Thr Lys Asp Leu Gly Leu Gly Ile Gly Phe Tyr Tyr Gly Leu Asp Val
1 5 10 15
<210> 328
<211> 321
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 328
gccatccaaa tgacccagtc tccatcctcc ctgtctacat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgatttag gctggtatca gctgaagcca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgat gcatccactt tacaaagtgg ggtcccatcg 180
aggttcagcg gcagtggatc tggcacagat ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240

gaagatttag caacttatta ctgtctacat cactacactt acccgtggac gttcggccat 300

gggaccaagg tggaactcaa a 321

<210> 329

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 329

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Asp
20 25 30

Leu Gly Trp Tyr Gln Leu Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

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

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

Glu Asp Leu Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu His His Tyr Thr Tyr Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly His Gly Thr Lys Val Glu Leu Lys
100 105

<210> 330

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 330

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttttggata cagctttacc agctactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 331

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 331

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

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Phe Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

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

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 332

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 332

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaggattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 333

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 333

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 334

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 334

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctcgagtgg ctccatcagc agaagtacct ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggag cacccaatac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga gttctgcgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtgc gggagagggg 300

tctaactgga actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 335

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 335

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Ser Gly Ser Ile Ser Arg Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Gln Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Ala Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Glu Gly Ser Asn Trp Asn Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 336

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 336

Ser Gly Ser Ile Ser Arg Ser Thr Trp
1 5

<210> 337

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 337

Ala Gly Glu Gly Ser Asn Trp Asn Tyr
1 5

<210> 338

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 338

gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgagttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taactgggac 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcagt gggtcaggca ctgatttcac actgagaatc 240

agcagggtgg aggctgagga tattggggtt tattactgca tgcaaggtac acactggccg 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag ctcaaa 336

<210> 339

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 339

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

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Trp Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Ile Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Leu Lys

100 105 110

<210> 340

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 340

gaggtgcagc tggtgcagtc tggagcagag gtgaaaaagc ccggggagtc tctgaagatc 60

tcctgtaagg gttctggata cagatttacc agttactgga tcggctgggt gcgccagatg 120

cccgggaaag gcctggagtg gatggggatc atctatcctg gtgactctga taccagatac 180

agcccgtcct tccaaggcca ggtcaccatc tcagccgaca agtccatcag caccgcctac 240

ctgcagtgga gcagcctgaa ggcctcggac accgccatgt attactgtgc gaggtcgtat 300

aactggaact actttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 341

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 341

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

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Arg Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

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

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 342

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 342

Gly Tyr Arg Phe Thr Ser Tyr Trp

1 5

<210> 343

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 343

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccacca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttattagtt acccttggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 344

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 344

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Pro Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Ile Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 345
<211> 321
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 345
gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aaattcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtt acccgagcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa a 321

<210> 346
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 346
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Lys Phe Ser Gly

50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Ser
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 347

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 347

Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Ser Ser

1 5

<210> 348

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 348

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggct caccgtcagt agcaactaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaaaa aactggagtg ggtctcagtt atttatagcg gaggtagcac attttacgca 180

gactccgtga ggggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtttctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggactcg gccgtgtatt actgtgcgag agatttggga 300

ccctacggtg tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 349

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 349

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Lys Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Arg

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe Leu

65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Leu Gly Pro Tyr Gly Val Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 350

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 350

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaaactcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtt accctctcac cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 351

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 351

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 352

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 352

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggt gtggtacggc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatggca tgagctgggt ccgccaagct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctctggt atttattgga atggtggtag cacaggttat 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggccttgt attactgtgc gagaggagtg 300

ggagctacag actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 353

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 353

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Arg Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ile Tyr Trp Asn Gly Gly Ser Thr Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Val Gly Ala Thr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 354

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 354

Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr Gly

1 5

<210> 355

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 355

Ile Tyr Trp Asn Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 356

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 356

Ala Arg Gly Val Gly Ala Thr Asp Tyr

1 5

<210> 357

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 357

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc ggcagcctct tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gaagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggta actcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gagcaaa 327

<210> 358

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 358

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Gly Ser

20 25 30

Leu Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ser Lys

100 105

<210> 359

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 359

Gln Ser Val Ser Gly Ser Leu

1 5

<210> 360

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 360

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro Met Cys Ser

1 5 10

<210> 361

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 361

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggt gtggtacggc ctgggggGtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatggca tgagctgggt ccgccaagct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctctggt atttattgga atggtggtag tacaggttat 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggccttgt attactgtgc gagaggagtg 300

ggagctacag actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 362

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 362

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttaga ggcagcttct tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca ggagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggta actcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 363

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 363

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Arg Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 364

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 364

Gln Ser Val Arg Gly Ser Phe

1 5

<210> 365

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 365

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggt gtggtacggc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatggca tgagctgggt ccgccaagct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctctggt atttattgga atggtggtag cacaggttat 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac atggccttgt attactgtgc gagaggagtg 300

ggagctacag actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 366

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 366

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Arg Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ile Tyr Trp Asn Gly Gly Ser Thr Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Met Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Val Gly Ala Thr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 367

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 367

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt cttcagggga aagagccacc 60

ctcgcctgca gggccagtga gagtgttaga ggcagcttct tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca ggagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaggatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggta attcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 368

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 368

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Ser Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ala Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Arg Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 369

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 369

Glu Ser Val Arg Gly Ser Phe

1 5

<210> 370

<211> 348

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 370

gaggtgcaac tggtggagtc tgggggaggt gtggtacggc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatggca tgagctgggt ccgccaagct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctctggt atttattgga atggtggtag cacaggttat 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggccttgt attactgtgc gagaggagtg 300

ggagctacag actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 371

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 371

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctttttttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttcgc ggcagcttct tagcctggta tcaacagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca ggagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag tagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggtc actcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 372

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 372

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Phe Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Arg Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly His Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 373

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 373

Gln Gln Tyr Gly His Ser Pro Met Cys Ser

1 5 10

<210> 374

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 374

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgta gggccagtca gagtgttagg ggcagcttct tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggta aatcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaacctgga gatcaaa 327

<210> 375

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 375

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Arg Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro
85 90 95
Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Asn Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 376
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 376
Gln Gln Tyr Gly Lys Ser Pro Met Cys Ser
1 5 10

<210> 377
<211> 348
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 377
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggt gtggtacggc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatggca tgacctgggt ccgccaagct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtctctggt attaattgga atggaggtag cacaggttct 180
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtgt 240
ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggccttgt attactgtgc gagaggagtg 300
ggagctacag attactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 378
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 378
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Arg Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Gly Met Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Asn Trp Asn Gly Gly Ser Thr Gly Ser Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Cys

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Val Gly Ala Thr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100 105 110

Thr Val Ser Ser

115

<210> 379

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 379

Ile Asn Trp Asn Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 380

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 380

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagcttct tagcctggta ccagcaaaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatccc gcaggtccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacccat gtccagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 381

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 381

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser
20 25 30

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

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ser Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

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

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95

Met Ser Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210>

382

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 382

Gln Ser Val Ser Ser Ser Phe
1 5

<210> 383

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 383

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Met Ser Ser
1 5 10

<210> 384

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 384

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggacgtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcaat agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaagtag taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agcggaggac acggctgtgt attactgtgc gaaagatgag 300

ggggactacg acgactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaggggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 385

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 385

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Phe

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Ser Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Asp Glu Gly Asp Tyr Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 386

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 386

Gly Phe Thr Phe Asn Ser Phe Gly

1 5

<210> 387

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 387

Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Ser Lys

1 5

<210> 388

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 388

Ala Lys Asp Glu Gly Asp Tyr Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 389

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 389

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcagt ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtcttagc agcagatact tggcctggta ccaccagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cggactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggca actcaatcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 390

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 390

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Leu Ser Ser Arg
20 25 30

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

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Ile
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 391

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 391

Gln Ser Leu Ser Ser Arg Tyr
1 5

<210> 392

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 392

Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Ile Thr
1 5

<210> 393

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 393

caggtgcagc tggtggagtc tgggggagac gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt cgctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaagtga taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gaaacagctg 300

ccccttttact actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 394

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 394

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Gln Leu Pro Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 395

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 395

Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Gly

1 5

<210> 396

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 396

Ala Lys Gln Leu Pro Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 397

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 397

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaacctcct aatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatattt accctcacac tttcggccct 300

gggaccaaag tggatatcaa a 321

<210> 398

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 398

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ile Tyr Pro His
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 399
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 399
Gln Gln Phe Asn Ile Tyr Pro His Thr
1 5

<210> 400
<211> 348
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 400
gaggtgcaac tggtggagtc tgggggaggt gtggtacggc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatggca tgacctgggt ccgccaagct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtctctggt atttattgga atggtggtag cacaggttat 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240
ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggccttgt attactgtgc gagaggagtg 300
ggagctacag actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcctca 348

<210> 401
<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 401

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

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

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

Ser Gly Ile Tyr Trp Asn Gly Gly Ser Thr Gly Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Arg Gly Val Gly Ala Thr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
100 105 110

Thr Val Ser Ser
115

<210> 402

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 402

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtttttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca ggaccagtca gaatattagc ggcagcttct tagcctggta ccagcagaaa 120

tctggccagg ttcccaggct cctcatctat ggtgcatcca ggagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggta actcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 403

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 403

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Phe Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Thr Ser Gln Asn Ile Ser Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Gln Val Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 404

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 404

Gln Asn Ile Ser Gly Ser Phe

1 5

<210> 405

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 405

gaaaatgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtttttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc ggcagcttct tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatttat ggtgcatcca ggagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg ggctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatataata actcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 406

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 406

Glu Asn Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Phe Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 407

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 407

Gln Ser Val Ser Gly Ser Phe

1 5

<210> 408

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 408

Gln Gln Tyr Asn Asn Ser Pro Met Cys Ser

1 5 10

<210> 409

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 409

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtttttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttcgc ggcagcttct tagcctggta tcagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatcaat ggtgcatcca ggagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag tagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatggta actcacccat gtgcagtttt 300

ggccagggga ccaagctgga gatcaaa 327

<210> 410

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 410

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Phe Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Arg Gly Ser

20 25 30

Phe Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Asn Gly Ala Ser Arg Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Asn Ser Pro

85 90 95

Met Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 411

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 411

caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaagtag taaagactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctggg agcggaggac acggctgtgt attactgtgc gaaagatgag 300

ggggactacg acgactacta ttacggtatg gacgtctggg gccaagggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 412

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 412

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

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

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

Ala Val Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Ser Lys Asp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Lys Asp Glu Gly Asp Tyr Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 413

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 413

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Gly

1 5

<210> 414

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 414

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtcttagc agcagatact tggcctggta ccaccagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cttcatctat ggtgcatcca tcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggacg gacttcactc tcaccatcag cggactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaatcac tttcggcaga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 415

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 415

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Leu Ser Ser Arg

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Phe

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ile Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Ile

85 90 95

Thr Phe Gly Arg Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 416

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 416

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Ile Thr

1 5

<210> 417

<211> 990

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 417

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 60

ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 240

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 300

aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 360

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 420

gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 480

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 540

agcacgtacc gggtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 600

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 660

aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggatgag 720

ctgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 780

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 840

ctggactccg acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 900

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 960

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 990

<210> 418

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 418

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

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

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

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

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

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

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
100 105 110

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
145 150 155 160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
165 170 175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
195 200 205

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
210 215 220

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
225 230 235 240

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
245 250 255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
260 265 270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
275 280 285

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
290 295 300

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325 330

<210> 419

<211> 990

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 419

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 60

ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 240

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 300

aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 360

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 420

gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 480

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 540

agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 600

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 660

aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggatgag 720

ctgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 780

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 840

ctggactccg acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 900

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 960

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 990

<210> 420

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 420

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr

65 70 75 80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys

100 105 110

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro

115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
130 135 140
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
145 150 155 160
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
165 170 175
Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu

180 185 190
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
195 200 205
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
210 215 220
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
225 230 235 240
Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr

245 250 255
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
260 265 270
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
275 280 285
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
290 295 300
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr

305 310 315 320
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325 330

<210> 421
<211> 990
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 421
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 60

ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 240

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc 300

aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 360

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 420

gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 480

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 540

agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 600

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 660

aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 720

atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 780

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 840

ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 900

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 960

cagaagagcc tctccctgtc cccgggtaaa 990

<210> 422

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 422

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

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

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

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

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

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95
Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
100 105 110
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
130 135 140
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
145 150 155 160
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
165 170 175
Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
195 200 205
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
210 215 220
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
225 230 235 240
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
245 250 255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
260 265 270
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
275 280 285
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
290 295 300
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325 330

<210> 423

<211> 990

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 423

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 60

ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 240

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 300

aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 360

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 420

gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 480

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 540

agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 600

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 660

aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggatgag 720

ctgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 780

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 840

ctggactccg acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 900

cagcagggga acatcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 960

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 990

<210> 424

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 424

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
35 40 45
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
50 55 60
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr

65 70 75 80
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
100 105 110
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
115 120 125
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys

130 135 140
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
145 150 155 160
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
165 170 175
Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
180 185 190
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn

195 200 205
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
210 215 220
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
225 230 235 240
Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
245 250 255
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn

260 265 270
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

275 280 285

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn

290 295 300

Ile Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr

305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325 330

<210> 425

<211> 990

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 425

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 60

ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 240

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agtggagccc 300

aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cgcgggggca 360

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 420

gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 480

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 540

agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 600

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 660

aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggatgag 720

ctgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 780

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 840

ctggactccg acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 900

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 960

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 990

<210> 426

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 426

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

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

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

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

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

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
100 105 110

Pro Ala Pro Glu Leu Ala Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp

145 150 155 160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
165 170 175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
195 200 205

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly

210 215 220

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu

225 230 235 240

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

245 250 255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn

260 265 270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

275 280 285

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn

290 295 300

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr

305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325 330

<210> 427

<211> 978

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 427

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagccg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgctctgac cagcggcgtg cacaccttcc cagctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcaacttcgg cacccagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagac agttgagcgc 300

aaatgttgtg tcgagtgccc accgtgccca gcaccacctg tggcaggacc gtcagtcttc 360

ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc atgatctccc ggacccctga ggtcacgtgc 420

gtggtggtgg acgtgagcca cgaagacccc gaggtccagt tcaactggta cgtggacggc 480

gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagcca cgggaggagc agttcaacag cacgttccgt 540

gtggtcagcg tcctcaccgt tgtgcaccag gactggctga acggcaagga gtacaagtgc 600

aaggtctcca acaaaggcct cccagccccc atcgagaaaa ccatctccaa aaccaaaggg 660

cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg cccccatccc gggaggagat gaccaagaac 720

caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc ttctacccca gcgacatcgc cgtggagtgg 780

gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccacac ctcccatgct ggactccgac 840

ggctccttct tcctctacag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 900

gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc 960

tccctgtctc cgggtaaa 978

<210> 428

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 428

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

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

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

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

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

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

Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
100 105 110

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

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
130 135 140

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly
145 150 155 160

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn
165 170 175

Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp

180 185 190

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro

195 200 205

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu

210 215 220

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn

225 230 235 240

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile

245 250 255

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr

260 265 270

Thr Pro Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

275 280 285

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys

290 295 300

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu

305 310 315 320

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 429

<211> 978

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 429

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgctctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgacctcca gcaacttcgg cacccagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagac agttgagcgc 300

aaatgttgtg tcgagtgccc accgtgccca gcaccacctg tggcaggacc gtcagtcttc 360

ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc atgatctccc ggacccctga ggtcacgtgc 420

gtggtggtgg acgtgagcca cgaagacccc gaggtccagt tcaactggta cgtggacggc 480

atggaggtgc ataatgccaa gacaaagcca cgggaggagc agttcaacag cacgttccgt 540

gtggtcagcg tcctcaccgt cgtgcaccag gactggctga acggcaagga gtacaagtgc 600

aaggtctcca acaaaggcct cccagccccc atcgagaaaa ccatctccaa aaccaaaggg 660

cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg cccccatccc gggaggagat gaccaagaac 720

caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc ttctacccca gcgacatcgc cgtggagtgg 780

gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccacac ctcccatgct ggactccgac 840

ggctccttct tcctctacag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 900

gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct ctgcacaacc actacacaca gaagagcctc 960

tccctgtctc cgggtaaa 978

<210> 430

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 430

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Thr Ser Ser Asn Phe Gly Thr Gln Thr

65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

100 105 110

Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp

115 120 125

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp

130 135 140

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly

145 150 155 160

Met Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn

165 170 175

Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp

180 185 190

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro

195 200 205

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu

210 215 220

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn

225 230 235 240

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile

245 250 255

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr

260 265 270

Thr Pro Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

275 280 285

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys

290 295 300

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu

305 310 315 320

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 431

<211> 978

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 431

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgctctgac cagcggcgtg cacaccttcc cagctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagac agttgagcgc 300

aaatgttgtg tcgagtgccc accgtgccca gcaccacctg tggcaggacc gtcagtcttc 360

ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc atgatctccc ggacccctga ggtcacgtgc 420

gtggtggtgg acgtgagcca cgaagacccc gaggtccagt tcaactggta cgtggacggc 480

gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagcca cgggaggagc agttcaacag cacgttccgt 540

gtggtcagcg tcctcaccgt tgtgcaccag gactggctga acggcaagga gtacaagtgc 600

aaggtctcca acaaaggcct cccagccccc atcgagaaaa ccatctccaa aaccaaaggg 660

cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg cccccatccc gggaggagat gaccaagaac 720

caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc ttctacccca gcgacatcgc cgtggagtgg 780

gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccacac ctcccatgct ggactccgac 840

ggctccttct tcctctacag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 900

gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc 960

tccctgtctc cgggtaaa 978

<210> 432

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 432

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr

65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

100 105 110

Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp

115 120 125

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp

130 135 140

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly

145 150 155 160

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn

165 170 175

Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp

180 185 190

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro

195 200 205

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu

210 215 220

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn

225 230 235 240

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile

245 250 255

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr

260 265 270

Thr Pro Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

275 280 285

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys

290 295 300

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu

305 310 315 320

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 433

<211> 978

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 433

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgctctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcaacttcgg cacccagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagac agttgagcgc 300

aaatgttgtg tcgagtgccc accgtgccca gcaccacctg tggcaggacc gtcagtcttc 360

ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc atgatctccc ggacccctga ggtcacgtgc 420

gtggtggtgg acgtgagcca cgaagacccc gaggtccagt tcaactggta cgtggacggc 480

gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagcca cgggaggagc agttcaacag cacgttccgt 540

gtggtcagcg tcctcaccgt cgtgcaccag gactggctga acggcaagga gtacaagtgc 600

aaggtctcca acaaaggcct cccagccccc atcgagaaaa ccatctccaa aaccaaaggg 660

cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg cccccatccc gggaggagat gaccaagaac 720

caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc ttctacccca gcgacatctc cgtggagtgg 780

gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccacac ctcccatgct ggactccgac 840

ggctccttct tcctctacag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 900

gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct ctgcacaacc actacacaca gaagagcctc 960

tccctgtctc cgggtaaa 978

<210> 434

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 434

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Asn Phe Gly Thr Gln Thr

65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

100 105 110

Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp

115 120 125

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp

130 135 140

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly

145 150 155 160

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn

165 170 175

Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp

180 185 190

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro

195 200 205

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu

210 215 220

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn

225 230 235 240

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile

245 250 255

Ser Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr

260 265 270

Thr Pro Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

275 280 285

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys
290 295 300

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu
305 310 315 320

Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 435

<211> 981

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 435

gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagccg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacgaagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagtcc 300

aaatatggtc ccccatgccc atcatgccca gcacctgagt tcctgggggg accatcagtc 360

ttcctgttcc ccccaaaacc caaggacact ctcatgatct cccggacccc tgaggtcacg 420

tgcgtggtgg tggacgtgag ccaggaagac cccgaggtcc agttcaactg gtacgtggat 480

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagttcaa cagcacgtac 540

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtct ccaacaaagg cctcccgtcc tccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 660

gggcagcccc gagagccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccaggagga gatgaccaag 720

aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctacc ccagcgacat cgccgtggag 780

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 840

gacggctcct tcttcctcta cagcaggcta accgtggaca agagcaggtg gcaggagggg 900

aatgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac acagaagagc 960

ctctccctgt ctctgggtaa a 981

<210> 436

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 436

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
1 5 10 15
Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
20 25 30
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
35 40 45
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
50 55 60
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr
65 70 75 80
Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95
Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro
100 105 110
Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
115 120 125
Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
130 135 140
Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
145 150 155 160
Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
165 170 175
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
180 185 190
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
195 200 205
Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
210 215 220
Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
225 230 235 240

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

245 250 255

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

260 265 270

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser

275 280 285

Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser

290 295 300

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

325

<210> 437

<211> 981

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 437

gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagccg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacgaagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagtcc 300

aaatatggtc ccccgtgccc atcatgccca gcacctgagt tcctgggggg accatcagtc 360

ttcctgttcc ccccaaaacc caaggacact ctcatgatct cccggacccc tgaggtcacg 420

tgcgtggtgg tggacgtgag ccaggaagac cccgaggtcc agttcaactg gtacgtggat 480

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagttcaa cagcacgtac 540

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcgtgcac caggactggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtct ccaacaaagg cctcccgtcc tccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 660

gggcagcccc gagagccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccaggagga gatgaccaag 720

aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctacc ccagcgacat cgccgtggag 780

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 840

gacggctcct tcttcctcta cagcaggcta accgtggaca agagcaggtg gcaggagggg 900

aatgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 960

ctctccctgt ctctgggtaa a 981

<210> 438

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 438

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr

65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro

100 105 110

Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

115 120 125

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

130 135 140

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp

145 150 155 160

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe

165 170 175

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp

180 185 190

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
195 200 205

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
210 215 220

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
225 230 235 240

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

245 250 255

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
260 265 270

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
275 280 285

Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
290 295 300

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
325

<210> 439

<211> 981

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 439

gcttccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacagccg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacgaagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagtcc 300

aaatatggtc ccccatgccc atcatgccca gcacctgagt tcctgggggg accatcagtc 360

ttcctgttcc ccccaaaacc caaggacact ctcatgatct cccggacccc tgaggtcacg 420

tgcgtggtgg tggacgtgag ccaggaagac cccgaggtcc agttcaactg gtacgtggat 480

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagttcaa cagcacgtac 540

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtct ccaacaaagg cctcccgtcc tccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 660

gggcagcccc gagagccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccaggagga gatgaccaag 720

aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctacc ccagcgacat cgccgtggag 780

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 840

gacggctcct tcttcctcta cagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcaggagggg 900

aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 960

ctctccctgt ctctgggtaa a 981

<210> 440

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 440

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr

65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro

100 105 110

Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

115 120 125

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

130 135 140

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
145 150 155 160
Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
165 170 175
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
180 185 190
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu

195 200 205
Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
210 215 220
Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
225 230 235 240
Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
245 250 255
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

260 265 270
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
275 280 285
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
290 295 300
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
305 310 315 320
Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
325

<210> 441
<211> 981
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 441
gcctccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60
agcacggccg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccagt gacggtgtcg 120
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacgaagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagtcc 300

aaatatggtc ccccatgccc accatgccca gcgcctgaat ttgaggggggg accatcagtc 360

ttcctgttcc ccccaaaacc caaggacact ctcatgatct cccggacccc tgaggtcacg 420

tgcgtggtgg tggacgtgag ccaggaagac cccgaggtcc agttcaactg gtacgtggat 480

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagttcaa cagcacgtac 540

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtct ccaacaaagg cctcccgtca tcgatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 660

gggcagcccc gagagccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccaggagga gatgaccaag 720

aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctacc ccagcgacat cgccgtggag 780

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 840

gacggatcct tcttcctcta cagcaggcta accgtggaca agagcaggtg gcaggagggg 900

aatgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac acagaagagc 960

ctctccctgt ctctgggtaa a 981

<210> 442

<211> 981

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 442

gcctccacca agggacctag cgtgttccct ctcgcccccc gttccaggtc cacaagcgag 60

tccaccgctg ccctcggctg tctggtgaaa gactactttc ccgagcccgt gaccgtctcc 120

tggaatagcg gagccctgac ctccggcgtg cacacatttc ccgccgtgct gcagagcagc 180

ggactgtata gcctgagcag cgtggtgacc gtgcccagct ccagcctcgg caccaaaacc 240

tacacctgca acgtggacca caagccctcc aacaccaagg tggacaagcg ggtggagagc 300

aagtacggcc ccccttgccc tccttgtcct gcccctgagt tcgagggagg accctccgtg 360

ttcctgtttc cccccaaacc caaggacacc ctgatgatct cccggacacc cgaggtgacc 420

tgtgtggtcg tggacgtcag ccaggaggac cccgaggtgc agttcaactg gtatgtggac 480

ggcgtggagg tgcacaatgc caaaaccaag cccagggagg agcagttcaa ttccacctac 540

agggtggtga gcgtgctgac cgtcctgcat caggattggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtgt ccaacaaggg actgcccagc tccatcgaga agaccatcag caaggctaag 660

ggccagccga gggagcccca ggtgtatacc ctgcctccta gccaggaaga gatgaccaag 720

aaccaagtgt ccctgacctg cctggtgaag ggattctacc cctccgacat cgccgtggag 780

tgggagagca atggccagcc cgagaacaac tacaaaacaa ccccctcccgt gctcgatagc 840

gacggcagct tctttctcta cagccggctg acagtggaca agagcaggtg gcaggagggc 900

aacgtgttct cctgttccgt gatgcacgag gccctgcaca atcactacac ccagaagagc 960

ctctccctgt ccctgggcaa g 981

<210> 443

<211> 981

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 443

gccagcacca agggcccttc cgtgttcccc ctggcccctt gcagcaggag cacctccgaa 60

tccacagctg ccctgggctg tctggtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgagc 120

tggaacagcg gcgctctgac atccggcgtc cacacctttc ctgccgtcct gcagtcctcc 180

ggcctctact ccctgtcctc cgtggtgacc gtgcctagct cctccctcgg caccaagacc 240

tacacctgta acgtggacca caaaccctcc aacaccaagg tggacaaacg ggtcgagagc 300

aagtacggcc ctccctgccc tccttgtcct gcccccgagt tcgaaggcgg acccagcgtg 360

ttcctgttcc ctcctaagcc caaggacacc ctcatgatca gccggacacc cgaggtgacc 420

tgcgtggtgg tggatgtgag ccaggaggac cctgaggtcc agttcaactg gtatgtggat 480

ggcgtggagg tgcacaacgc caagacaaag ccccgggaag agcagttcaa ctccacctac 540

agggtggtca gcgtgctgac cgtgctgcat caggactggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtca gcaataaggg actgcccagc agcatcgaga agaccatctc caaggctaaa 660

ggccagcccc gggaacctca ggtgtacacc ctgcctccca gccaggagga gatgaccaag 720

aaccaggtga gcctgacctg cctggtgaag ggattctacc cttccgacat cgccgtggag 780

tgggagtcca acggccagcc cgagaacaat tataagacca cccctcccgt cctcgacagc 840

gacggatcct tctttctgta ctccaggctg accgtggata agtccaggtg gcaggaaggc 900

aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca atcactacac ccagaagtcc 960

ctgagcctgt ccctgggaaa g 981

<210> 444

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 444

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr

65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro

100 105 110

Glu Phe Glu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

115 120 125

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

130 135 140

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp

145 150 155 160

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe

165 170 175

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp

180 185 190

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu

195 200 205

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

210 215 220

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys

225 230 235 240

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

245 250 255

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

260 265 270

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser

275 280 285

Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser

290 295 300

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

325

<210> 445

<211> 981

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 445

gcctccacca agggcccatc cgtcttcccc ctggcgccct gctccaggag cacctccgag 60

agcacggccg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccagt gacggtgtcg 120

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 180

ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacgaagacc 240

tacacctgca acgtagatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagtcc 300

aaatatggtc ccccatgccc accatgccca gcgcctccag ttgcgggggg accatcagtc 360

ttcctgttcc ccccaaaacc caaggacact ctcatgatct cccggacccc tgaggtcacg 420

tgcgtggtgg tggacgtgag ccaggaagac cccgaggtcc agttcaactg gtacgtggat 480

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagttcaa cagcacgtac 540

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaacggcaa ggagtacaag 600

tgcaaggtct ccaacaaagg cctcccgtca tcgatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 660

gggcagcccc gagagccaca ggtgtacacc ctgccccccat cccaggagga gatgaccaag 720

aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctacc ccagcgacat cgccgtggag 780

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 840

gacggatcct tcttcctcta cagcaggcta accgtggaca agagcaggtg gcaggagggg 900

aatgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac acagaagagc 960

ctctccctgt ctctgggtaa a 981

<210> 446

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 446

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

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

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

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

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

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

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
100 105 110

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

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
130 135 140

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
145 150 155 160

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
165 170 175

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
180 185 190

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu

195 200 205

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

210 215 220

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys

225 230 235 240

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

245 250 255

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

260 265 270

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser

275 280 285

Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser

290 295 300

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

325

<210> 447

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 447

cgtacggtgg ccgctccctc cgtgttcatc ttcccacctt ccgacgagca gctgaagtcc 60

ggcaccgctt ctgtcgtgtg cctgctgaac aacttctacc cccgcgaggc caaggtgcag 120

tggaaggtgg acaacgccct gcagtccggc aactcccagg aatccgtgac cgagcaggac 180

tccaaggaca gcacctactc cctgtcctcc accctgaccc tgtccaaggc cgactacgag 240

aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag 300

tctttcaacc ggggcgagtg t 321

<210> 448

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 448

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

100 105

<210> 449

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 449

cgaactgtgg ctgcaccatc tgtcttcatc ttcccgccat ctgatgagca gttgaaatct 60

ggaactgcct ctgttgtgtg cctgctgaat aacttctatc ccagagaggc caaagtacag 120

tggaaggtgg ataacgccct ccaatcgggt aactcccagg agagtgtcac agagcaggag 180

agcaaggaca gcacctacag cctcagcagc accctgacgc tgagcaaagc agactacgag 240

aaacacaaag tctacgccgg cgaagtcacc catcagggcc tgagctcgcc cgtcacaaag 300

agcttcaaca ggggagagtg t 321

<210> 450

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 450

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Lys His Lys Val Tyr Ala Gly Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

85 90 95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

100 105

<210> 451

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 451

cgaactgtgg ctgcaccatc tgtcttcatc ttcccgccat ctgatgagca gttgaaatct 60

ggaactgcct ctgttgtgtg cctgctgaat aacttctatc ccagagaggc caaagtacag 120

cggaaggtgg ataacgccct ccaatcgggt aactcccagg agagtgtcac agagcaggag 180

agcaaggaca gcacctacag cctcagcagc accctgacgc tgagcaaagc agactacgag 240

aaacacaaag tctacgcctg cgaagtcacc catcagggcc tgagctcgcc cgtcacaaag 300

agcttcaaca ggggagagtg t 321

<210> 452

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 452

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

100 105

<210> 453

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 453

cgaactgtgg ctgcaccatc tgtcttcatc ttcccgccat ctgatgagca gttgaaatct 60

ggaactgcct ctgttgtgtg cctgctgaat aacttctatc ccagagaggc caaagtacag 120

tggaaggtgg ataacgccct ccaatcgggt aactcccagg agagtgtcac agagcaggac 180

agcaaggaca gcacctacag cctcagcagc accctgacgc tgagcaaagc agactacgag 240

aaacacaaac tctacgcctg cgaagtcacc catcagggcc tgagctcgcc cgtcacaaag 300

agcttcaaca ggggagagtg t 321

<210> 454

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 454

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

100 105

<210> 455

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 455

cgaactgtgg ctgcaccatc tgtcttcatc ttcccgccat ctgatgagca gttgaaatct 60

ggaactgcct ctgttgtgtg cctgctgaat aacttctatc ccagagaggc caaagtacag 120

tggaaggtgg ataacgccct ccaatcgggt aactcccagg agagtgtcac agagcaggac 180

agcaaggaca gcacctacag cctcagcaac accctgacgc tgagcaaagc agactacgag 240

aaacacaaag tctacgcctg cgaagtcacc catcagggcc tgagctcgcc cgtcacaaag 300

agcttcaaca ggggagagtg c 321

<210> 456

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 456

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

100 105

<210> 457

<211> 312

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 457

cccaaggcca accccacggt cactctgttc ccgccctcct ctgaggagct ccaagccaac 60

aaggccacac tagtgtgtct gatcagtgac ttctacccgg gagctgtgac agtggcttgg 120

aaggcagatg gcagccccgt caaggcggga gtggagacga ccaaaccctc caaacagagc 180

aacaacaagt acgcggccag cagctacctg agcctgacgc ccgagcagtg gaagtcccac 240

agaagctaca gctgccaggt cacgcatgaa gggagcaccg tggagaagac agtggcccct 300

acagaatgtt ca 312

<210> 458

<211> 104

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 458

Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu

1 5 10 15

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr

20 25 30

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro Val Lys

35 40 45

Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr

50 55 60

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His

65 70 75 80

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys

85 90 95

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

100

<210> 459

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 459

ggtcagccca aggccaaccc cactgtcact ctgttcccgc cctcctctga ggagctccaa 60

gccaacaagg ccacactagt gtgtctgatc agtgacttct acccgggagc tgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatggcag ccccgtcaag gcgggagtgg agaccaccaa accctccaaa 180

cagagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcccga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacag aatgttca 318

<210> 460

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 460

ggtcagccca aggccaaccc cactgtcact ctgttcccgc cctcctctga ggagctccaa 60

gccaacaagg ccacactagt gtgtctgatc agtgacttct acccgggagc tgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatggcag ccccgtcaag gcgggagtgg agaccaccaa accctccaaa 180

cagagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcccga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacag aatgttca 318

<210> 461

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 461

Gly Gln Pro Lys Ala Asn Pro Thr Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser
1 5 10 15
Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp
20 25 30
Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro
35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Lys Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn
50 55 60
Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys
65 70 75 80
Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val
85 90 95
Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
100 105

<210> 462

<211> 318

<212>

DNA

<213> Homo sapiens

<400> 462

ggccagccta aggccgctcc ttctgtgacc ctgttccccc catcctccga ggaactgcag 60

gctaacaagg ccaccctcgt gtgcctgatc agcgacttct accctggcgc cgtgaccgtg 120

gcctggaagg ctgatagctc tcctgtgaag gccggcgtgg aaaccaccac cccttccaag 180

cagtccaaca acaaatacgc cgcctcctcc tacctgtccc tgaccctga gcagtggaag 240

tcccaccggt cctacagctg ccaagtgacc cacgagggct ccaccgtgga aaagaccgtg 300

gctcctaccg agtgctcc 318

<210> 463

<211>

318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 463

ggccagccta aagctgcccc cagcgtcacc ctgtttcctc cctccagcga ggagctccag 60

gccaacaagg ccaccctcgt gtgcctgatc tccgacttct atcccggcgc tgtgaccgtg 120

gcttggaaag ccgactccag ccctgtcaaa gccggcgtgg agaccaccac accctccaag 180

cagtccaaca acaagtacgc cgcctccagc tatctctccc tgacccctga gcagtggaag 240

tcccaccggt cctactcctg tcaggtgacc cacgagggct ccaccgtgga aaagaccgtc 300

gcccccaccg agtgctcc 318

<210>

464

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 464

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp

20 25 30

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro

35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

100 105

<210> 465

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 465

ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacag aatgttca 318

<210> 466

<400> 466

000

<210> 467

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 467

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp

20 25 30

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro

35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

100 105

<210> 468

<211> 312

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 468

cccaaggctg ccccctcggt cactctgttc ccaccctcct ctgaggagct tcaagccaac 60

aaggccacac tggtgtgtct cataagtgac ttctacccgg gagccgtgac agttgcctgg 120

aaggcagata gcagccccgt caaggcgggg gtggagacca ccacaccctc caaacaaagc 180

aacaacaagt acgcggccag cagctacctg agcctgacgc ctgagcagtg gaagtcccac 240

aaaagctaca gctgccaggt cacgcatgaa gggagcaccg tggagaagac agttgcccct 300

acggaatgtt ca 312

<210> 469

<211> 104

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 469

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

Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
20 25 30

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
35 40 45

Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
50 55 60

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
65 70 75 80

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

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
100

<210> 470

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 470

ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata agtgacttct acccggggcc agtgacagtt 120

gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag gcgggggtgg agaccaccac accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcctga gcagtggaag 240

tcccacaaaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacgg aatgttca 318

<210> 471

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 471

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

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

Phe Tyr Pro Gly Pro Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro
35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn
50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys
65 70 75 80

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

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
100 105

<210> 472

<211> 318

<212>

DNA

<213> Homo sapiens

<400> 472

ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcctga gcagtggaag 240

tcccacaaaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacag aatgttca 318

<210> 473

<211>

106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 473

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

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

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro
35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys
65 70 75 80

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

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
100 105

<210> 474

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 474

ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcctga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacag aatgttca 318

<210> 475

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 475

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp

20 25 30

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro

35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

100 105

<210> 476

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 476

ggtcagccca aggctgcccc atcggtcact ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgcctgatc agtgacttct acccgggagc tgtgaaagtg 120

gcctggaagg cagatggcag ccccgtcaac acgggagtgg agaccaccac accctccaaa 180

cagagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcctga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctgcag aatgttca 318

<210> 477

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 477

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp

20 25 30

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Lys Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro

35 40 45

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

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Ala Glu Cys Ser

100 105

<210> 478

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 478

ggtcagccca aggctgcccc atcggtcact ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcgta agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatggcag ccccgtcaag gtgggagtgg agaccaccaa accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtatgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcccga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccgggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctgcag aatgctct 318

<210> 479

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 479

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Val Ser Asp

20 25 30

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro

35 40 45

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

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Arg Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Ala Glu Cys Ser

100 105

<210> 480

<211> 318

<212>

DNA

<213> Homo sapiens

<400> 480

ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcgta agtgacttca acccgggagc cgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatggcag ccccgtcaag gtgggagtgg agaccaccaa accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtatgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcccga gcagtggaag 240

tcccacagaa gctacagctg ccgggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctgcag aatgctct 318

<210> 481

<211>

106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 481

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Val Ser Asp

20 25 30

Phe Asn Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Gly Ser Pro

35 40 45

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

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Arg Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Ala Glu Cys Ser

100 105

<210> 482

<211> 978

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 482

gcttctacca agggacccag cgtgttccct ctggctcctt gctccagatc cacctccgag 60

tctacagctg ctctgggctg cctggtcaag gactactttc ctgagcctgt gaccgtgtct 120

tggaactctg gcgctctgac atctggcgtg cacacattcc ctgctgtgct gcagtcctcc 180

ggcctgtact ctctgtcctc tgtcgtgacc gtgccttcct ctagcctggg caccaagacc 240

tacacctgta atgtggacca caagccttcc aacaccaagg tggacaagcg cgtggaatct 300

aagtacggcc ctccttgtcc tccatgtcct gctccagagt ttgaaggcgg cccttccgtg 360

tttctgttcc ctccaaagcc taaggacacc ctgatgatct ctcggacccc tgaagtgacc 420

tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaagaggat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 480

ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cctagagagg aacagttcaa ctccacctac 540

agagtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggattggc tgaacggcaa agagtacaag 600

tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcctagc tccatcgaaa agaccatctc caaggccaag 660

ggccagcctc gagaacccca ggtttacacc ctgcctccaa gccaagagga aatgaccaag 720

aaccaggtgt ccctgacctg cctcgtgaag ggattctacc cctccgatat cgccgtggaa 780

tgggagtcta atggccagcc agagaacaac tacaagacaa cccctcctgt gctggactcc 840

gacggctcct tctttctgta ttcccgcctg accgtggaca agtccagatg gcaagagggc 900

aacgtgttct cctgcagcgt gatgcacgag gccctgcaca atcactacac ccagaagtcc 960

ctgtctctgt ccctgggc 978

<210> 483

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 483

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

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

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

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

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

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

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
100 105 110

Glu Phe Glu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
115 120 125

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
130 135 140

Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
145 150 155 160

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
165 170 175

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
180 185 190

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
195 200 205

Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

210 215 220

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys

225 230 235 240

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

245 250 255

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys

260 265 270

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser

275 280 285

Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser

290 295 300

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Leu Gly

325

<210> 484

<211> 353

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 484

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

1 5 10 15

Gln Pro Asp Gly Asn Val Val Ile Ala Cys Leu Val Gln Gly Phe Phe

20 25 30

Pro Gln Glu Pro Leu Ser Val Thr Trp Ser Glu Ser Gly Gln Gly Val

35 40 45

Thr Ala Arg Asn Phe Pro Pro Ser Gln Asp Ala Ser Gly Asp Leu Tyr

50 55 60

Thr Thr Ser Ser Gln Leu Thr Leu Pro Ala Thr Gln Cys Leu Ala Gly

65 70 75 80

Lys Ser Val Thr Cys His Val Lys His Tyr Thr Asn Pro Ser Gln Asp

85 90 95

Val Thr Val Pro Cys Pro Val Pro Ser Thr Pro Pro Thr Pro Ser Pro

100 105 110

Ser Thr Pro Pro Thr Pro Ser Pro Ser Cys Cys His Pro Arg Leu Ser

115 120 125

Leu His Arg Pro Ala Leu Glu Asp Leu Leu Leu Gly Ser Glu Ala Asn

130 135 140

Leu Thr Cys Thr Leu Thr Gly Leu Arg Asp Ala Ser Gly Val Thr Phe

145 150 155 160

Thr Trp Thr Pro Ser Ser Gly Lys Ser Ala Val Gln Gly Pro Pro Glu

165 170 175

Arg Asp Leu Cys Gly Cys Tyr Ser Val Ser Ser Val Leu Pro Gly Cys

180 185 190

Ala Glu Pro Trp Asn His Gly Lys Thr Phe Thr Cys Thr Ala Ala Tyr

195 200 205

Pro Glu Ser Lys Thr Pro Leu Thr Ala Thr Leu Ser Lys Ser Gly Asn

210 215 220

Thr Phe Arg Pro Glu Val His Leu Leu Pro Pro Pro Ser Glu Glu Leu

225 230 235 240

Ala Leu Asn Glu Leu Val Thr Leu Thr Cys Leu Ala Arg Gly Phe Ser

245 250 255

Pro Lys Asp Val Leu Val Arg Trp Leu Gln Gly Ser Gln Glu Leu Pro

260 265 270

Arg Glu Lys Tyr Leu Thr Trp Ala Ser Arg Gln Glu Pro Ser Gln Gly

275 280 285

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

290 295 300

Trp Lys Lys Gly Asp Thr Phe Ser Cys Met Val Gly His Glu Ala Leu

305 310 315 320

Pro Leu Ala Phe Thr Gln Lys Thr Ile Asp Arg Leu Ala Gly Lys Pro

325 330 335

Thr His Val Asn Val Ser Val Val Met Ala Glu Val Asp Gly Thr Cys

340 345 350

Tyr

<210> 485

<211> 340

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 485

Ala Ser Pro Thr Ser Pro Lys Val Phe Pro Leu Ser Leu Asp Ser Thr

1 5 10 15

Pro Gln Asp Gly Asn Val Val Val Ala Cys Leu Val Gln Gly Phe Phe

20 25 30

Pro Gln Glu Pro Leu Ser Val Thr Trp Ser Glu Ser Gly Gln Asn Val

35 40 45

Thr Ala Arg Asn Phe Pro Pro Ser Gln Asp Ala Ser Gly Asp Leu Tyr

50 55 60

Thr Thr Ser Ser Gln Leu Thr Leu Pro Ala Thr Gln Cys Pro Asp Gly

65 70 75 80

Lys Ser Val Thr Cys His Val Lys His Tyr Thr Asn Ser Ser Gln Asp

85 90 95

Val Thr Val Pro Cys Arg Val Pro Pro Pro Pro Pro Cys Cys His Pro

100 105 110

Arg Leu Ser Leu His Arg Pro Ala Leu Glu Asp Leu Leu Leu Gly Ser

115 120 125

Glu Ala Asn Leu Thr Cys Thr Leu Thr Gly Leu Arg Asp Ala Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Phe Thr Trp Thr Pro Ser Ser Gly Lys Ser Ala Val Gln Gly

145 150 155 160

Pro Pro Glu Arg Asp Leu Cys Gly Cys Tyr Ser Val Ser Ser Val Leu

165 170 175

Pro Gly Cys Ala Gln Pro Trp Asn His Gly Glu Thr Phe Thr Cys Thr
180 185 190

Ala Ala His Pro Glu Leu Lys Thr Pro Leu Thr Ala Asn Ile Thr Lys
195 200 205

Ser Gly Asn Thr Phe Arg Pro Glu Val His Leu Leu Pro Pro Pro Ser
210 215 220

Glu Glu Leu Ala Leu Asn Glu Leu Val Thr Leu Thr Cys Leu Ala Arg
225 230 235 240

Gly Phe Ser Pro Lys Asp Val Leu Val Arg Trp Leu Gln Gly Ser Gln
245 250 255

Glu Leu Pro Arg Glu Lys Tyr Leu Thr Trp Ala Ser Arg Gln Glu Pro
260 265 270

Ser Gln Gly Thr Thr Thr Tyr Ala Val Thr Ser Ile Leu Arg Val Ala
275 280 285

Ala Glu Asp Trp Lys Lys Gly Glu Thr Phe Ser Cys Met Val Gly His
290 295 300

Glu Ala Leu Pro Leu Ala Phe Thr Gln Lys Thr Ile Asp Arg Met Ala
305 310 315 320

Gly Lys Pro Thr His Ile Asn Val Ser Val Val Met Ala Glu Ala Asp
325 330 335

Gly Thr Cys Tyr
340

<210> 486

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 486

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagtagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gagcatttac 180

tacaacccgt ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattactg tgcgagctgg 300

ttcggggagt tcttgaaagc cgatgctttt gatatctggg gccaagggac aatggtcacc 360

gtctcttca 369

<210> 487

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 487

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Ile Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Ser Trp Phe Gly Glu Phe Leu Lys Ala Asp Ala Phe Asp Ile

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 488

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 488

Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Ser Tyr Tyr

1 5 10

<210> 489

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 489

Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Ile

1 5

<210> 490

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 490

Ala Ser Trp Phe Gly Glu Phe Leu Lys Ala Asp Ala Phe Asp Ile

1 5 10 15

<210> 491

<211> 333

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 491

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttatagct atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtaagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc tgctcatatg caggtggtag cactttcgtg 300

gtattcggcg gagggaccaa gctgaccgtc cta 333

<210> 492

<211> 111

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 492

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Ser Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Gly Gly

85 90 95

Ser Thr Phe Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 493

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 493

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Ser Tyr

1 5

<210> 494

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 494

Cys Ser Tyr Ala Gly Gly Ser Thr Phe Val Val

1 5 10

<210> 495

<211

> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 495

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcagc acaactaatt ggtggagttg ggtccgccag 120

tccccaggga gggggctgga gtggattggg gaaatctttc atattggata taccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccaattctcc 240

ctgaagctga attccgtgac cgtcgcggac acggccgtgt attactgtgc gagaagagtg 300

gtcatggaca cagctatggc ccactttgac tgctggggcc agggaaccct ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 496

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 496

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Thr Thr

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Phe His Ile Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Val Val Met Asp Thr Ala Met Ala His Phe Asp Cys Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 497

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 497

Gly Gly Ser Ile Ser Thr Thr Asn Trp

1 5

<210> 498

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 498

Ile Phe His Ile Gly Tyr Thr

1 5

<210> 499

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 499

Ala Arg Arg Val Val Met Asp Thr Ala Met Ala His Phe Asp Cys

1 5 10 15

<210> 500

<211> 333

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 500

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60

tcctgcactg ggagcagctc caacatcggg gcaggttatg atgtacactg gtaccagcac 120

cttccaggaa cagcccccaa actcctcatc tatattaaca tcaatcggcc ctcaggggtc 180

cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggtcat cgctgggctc 240

caggctgaag atggggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagtct gagtggttgg 300

gtgttcggcg gggggaccag gctgaccgtc cta 333

<210> 501

<211> 111

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 501

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly

20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Leu Ile Tyr Ile Asn Ile Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Val Ile Ala Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Gly Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser

85 90 95

Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 502

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 502

Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly Tyr Asp

1 5

<210> 503

<400> 503

000

<210> 504

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 504

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Trp Val

1 5 10

<210> 505

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 505

gaggtgcaga tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc cgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggct caccgtcagt agtaattaca tgagctgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac attctacgca 180

gactccgtga aggaccgatt caccatctcc agggacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaagacacg gccgtatatt actgtgcgcg agaaaactgg 300

aactacgttt ttgactgctg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 506

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 506

Glu Val Gln Met Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Glu Asn Trp Asn Tyr Val Phe Asp Cys Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 507

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 507

Ala Arg Glu Asn Trp Asn Tyr Val Phe Asp Cys

1 5 10

<210> 508

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 508

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtc accctatcat cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 509

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 509

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser His Pro Ile

85 90 95

Ile Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 510

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 510

Gln Gln Leu Asn Ser His Pro Ile Ile

1 5

<210> 511

<211> 345

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 511

gaggtgcagg tggtagaatc tggaggaggc ttgatccagc cgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggaat caccgtcagt agaaactaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac attctacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgatgacacg ggcgtgtatt actgtgcgag agaagggtac 300

ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 512

<211> 115

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 512

Glu Val Gln Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Ile Thr Val Ser Arg Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Asp Asp Thr Gly Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Glu Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
100 105 110

Val Ser Ser
115

<210> 513

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 513

Gly Ile Thr Val Ser Arg Asn Tyr
1 5

<210> 514

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 514

Ala Arg Glu Gly Tyr Gly Met Asp Val
1 5

<210> 515

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 515

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatttattct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ttgtcaacag cttaatagtc acccgtgcag ttttggccag 300

gggaccaagc tggagatcaa a 321

<210> 516

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 516

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser His Pro Cys

85 90 95

Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 517

<400> 517

000

<210> 518

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 518

Gln Gln Leu Asn Ser His Pro Cys Ser

1 5

<210> 519

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 519

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ctgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgaatt catcgtcagt cgcaactaca tgagttgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggaatg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac attctacgca 180

gactccgtga ggggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaaaaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agactacggt 300

gaccagtact ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 520

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 520

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Glu Phe Ile Val Ser Arg Asn

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Arg

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Tyr Gly Asp Gln Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 521

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 521

Glu Phe Ile Val Ser Arg Asn Tyr

1 5

<210> 522

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 522

Ala Arg Asp Tyr Gly Asp Gln Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 523

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 523

gaaatggtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aaaagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gactgttagc accaacttag cctggtacca acagaaacct 120

ggccagtctc ccaggctcct catctatggt gcatccacca gggccactgg tatcccagcc 180

aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240

gaagattttg caatttatta ctgtcagcaa tatgttgact ggcctcggac gttcggccaa 300

gggaccacgg tggaaatcaa a 321

<210> 524

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 524

Glu Met Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Lys Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Thr Val Ser Thr Asn

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Ile Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Val Asp Trp Pro Arg

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Thr Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 525

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 525

Gln Thr Val Ser Thr Asn

1 5

<210> 526

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 526

Gln Gln Tyr Val Asp Trp Pro Arg Thr

1 5

<210> 527

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 527

gaggtgcaga tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagt ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggct cagcgtcagt agcaactaca tgagttgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggaatg ggtcgcagtt atttatagcg gtggtagtat attctatgca 180

gactccgtga aggaccgatt caccatctcc agggacaatt ccaagaacac gctttatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtatatt actgtgcgag agagaactgg 300

aactacgttt ttgactgctg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 528

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 528

Glu Val Gln Met Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Ser Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30

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

Ala Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys
50 55 60

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

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

Arg Glu Asn Trp Asn Tyr Val Phe Asp Cys Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 529

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 529

Gly Leu Ser Val Ser Ser Asn Tyr
1 5

<210> 530

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 530

Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Ile
1 5

<210> 531

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 531

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgttggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc acttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttagtagtc accctatcat cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 532

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 532

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Thr Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Ser Ser His Pro Ile

85 90 95

Ile Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 533

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 533

Gln Gln Leu Ser Ser His Pro Ile Ile

1 5

<210> 534

<211> 390

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 534

caggtgcagc tggtggaatc tgggggaggc gtggtccacc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgtag tctctggatt caccttcagt ggctatggca tgtactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtc atatcaaagg atggaagtga taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatt tccagagaca attccaagaa cacactgaat 240

ctgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtgt tttactgtgc gaaagaaagg 300

actttccaag gttcggggag ttattataac aactactttt attatggtat ggacgtctgg 360

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 390

<210> 535

<211> 130

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 535

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val His Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Val Ser Gly Phe Thr Phe Ser Gly Tyr

20 25 30

Gly Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Ser Lys Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Asn

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Phe Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Glu Arg Thr Phe Gln Gly Ser Gly Ser Tyr Tyr Asn Asn Tyr

100 105 110

Phe Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val

115 120 125

Ser Ser

130

<210> 536

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 536

Gly Phe Thr Phe Ser Gly Tyr Gly

1 5

<210> 537

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 537

Ile Ser Lys Asp Gly Ser Asp Lys

1 5

<210> 538

<211> 23

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 538

Ala Lys Glu Arg Thr Phe Gln Gly Ser Gly Ser Tyr Tyr Asn Asn Tyr

1 5 10 15

Phe Tyr Tyr Gly Met Asp Val

20

<210> 539

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 539

gccatccagt tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgctttag cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagctc ctaacctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatt tgggacagat ttcactctca ccatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg caagttatta ttgtcaacag tttaagagtt atccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa g 321

<210> 540

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 540

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala
20 25 30

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

Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 541

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 541

Gln Gly Ile Ser Ser Ala

1 5

<210> 542

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 542

Gln Gln Phe Lys Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 543

<211> 345

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 543

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtggag tctcaggact caccgtcagt agaaactata tgaattgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac attctacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaact ccaaaaacac gctgtatctt 240

caaatgatca gcctgagagc cgaggactcg ggcgtgtatt actgtgcgcg agaaggattt 300

ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 544

<211> 115

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 544

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Gly Val Ser Gly Leu Thr Val Ser Arg Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Ile Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Gly Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Glu Gly Phe Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 545

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 545

Gly Leu Thr Val Ser Arg Asn Tyr

1 5

<210> 546

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 546

Ala Arg Glu Gly Phe Gly Met Asp Val

1 5

<210> 547

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 547

gacatccagt tgacccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc aattatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctattct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcaa cctgcagcct 240

gcagatattg caacttatta ctgtcaactc cttaatagtc atccgtgcag ttttggccag 300

gggaccaagc tggagatcaa a 321

<210> 548

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 548

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro

65 70 75 80

Ala Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Leu Leu Asn Ser His Pro Cys

85 90 95

Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 549

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 549

Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

1 5

<210> 550

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 550

Gln Leu Leu Asn Ser His Pro Cys Ser

1 5

<210> 551

<211> 381

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 551

caggtgcagc tggcggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgtag tctctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg gcctggagtg ggtggtattt atatcaaatg atggaagtaa tgaagacttt 180

gtagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gaaaggaggg 300

tatttctatg gttcggggaa ttattactac tactacggta tggacgtctg gggccaaggg 360

accacggtca ccgtctcctc a 381

<210> 552

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 552

Gln Val Gln Leu Ala Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Val Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Val Phe Ile Ser Asn Asp Gly Ser Asn Glu Asp Phe Val Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Gly Gly Tyr Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr

100 105 110

Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 553

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 553

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Gly

1 5

<210> 554

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 554

Ile Ser Asn Asp Gly Ser Asn Glu

1 5

<210> 555

<211> 20

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 555

Ala Lys Gly Gly Tyr Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr

1 5 10 15

Gly Met Asp Val

20

<210> 556

<211> 333

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 556

cagcctgtgc tgactcaatc atcctctgcc tctgcttccc tgggatcctc ggtcaagctc 60

acctgcactc tgagcagtgt gcacagtaac cacatcatcg catggcatca gcagcagcca 120

gggaaggccc ctcggtactt gatgaagctt gaaggtagtg gaaggtacag taaggggagc 180

ggagttcctg atcgcttctc aggctccagc tctgaggctg accgctacct caccatctcc 240

aacctccagt ctgaggatga ggctgattat tactgtgaga cctgggacaa taatacttat 300

gtcttcggat ctgggaccaa agtcaccgtc cta 333

<210> 557

<211> 111

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 557

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

Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Val His Ser Asn His Ile
20 25 30

Ile Ala Trp His Gln Gln Gln Pro Gly Lys Ala Pro Arg Tyr Leu Met
35 40 45

Lys Leu Glu Gly Ser Gly Arg Tyr Ser Lys Gly Ser Gly Val Pro Asp
50 55 60

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

Asn Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Glu Thr Trp Asp
85 90 95

Asn Asn Thr Tyr Val Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Thr Val Leu
100 105 110

<210> 558

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 558

Ser Val His Ser Asn His Ile
1 5

<210> 559

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 559

Leu Glu Gly Ser Gly Arg Tyr

1 5

<210> 560

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 560

Glu Thr Trp Asp Asn Asn Thr Tyr Val

1 5

<210> 561

<211> 372

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 561

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttgatacagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca taaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtggta gtagtactac catatactac 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gtgccaagaa ctcactgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agacgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaggcctc 300

cgatcgagta tagcacctcg tccggactac tttgactcct ggggccaggg aattttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 562

<211> 124

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 562

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ser Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Phe Ile Ser Gly Ser Ser Thr Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Leu Arg Ser Ser Ile Ala Pro Arg Pro Asp Tyr Phe Asp
100 105 110
Ser Trp Gly Gln Gly Ile Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 563

<

211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 563

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser
1 5

<210> 564

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 564

Ile Ser Gly Ser Ser Thr Thr Ile
1 5

<210> 565

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 565

Ala Arg Gly Leu Arg Ser Ser Ile Ala Pro Arg Pro Asp Tyr Phe Asp
1 5 10 15

Ser

<210> 566

<211> 324

<212> DNA

<213

> Homo sapiens

<400> 566

tcctatgtac tgactcagcc accctcagtg tcagtggccc caggaaagac ggccaggatt 60

acctgtgggg gaaacaacat tggaagtaaa ggtgtacact ggtaccagca gaagccaggc 120

caggcccctg tactggtcat ctattatgat agcgaccggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg gaacacggcc accctgacca tcagcagggt cgaagccggg 240

gatgaggccg actattcctg tcaggtgtgg gatagtagta gtgatcatcc ggtattcggc 300

ggagggacca agctgaccgt ccaa 324

<210> 567

<211> 108

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 567

Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Lys

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Gly Val

20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Tyr Asp Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Ser Cys Gln Val Trp Asp Ser Ser Ser Asp His

85 90 95

Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Gln

100 105

<210> 568

<400> 568

000

<210> 569

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 569

Gln Val Trp Asp Ser Ser Ser Asp His Pro Val

1 5 10

<210> 570

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 570

cagatcacct tgaaggagtc tggtcctacg ctggtgaaac ccacacagac cctcacgctg 60

acctgcacct tctctgggtt ctcactcagc actggtggag tggctgtggg ctggatccgt 120

cagcccccag gaaaggccct ggagtggctt gcaatcattt attgggatga tgataagcgt 180

tacagcccat ctctgaagag caggctcacc atcaccaagg acacctccaa aaaccaggtg 240

gtccttacaa tgaccaacat ggaccctgtg gacacagcca catattactg tgcacactgg 300

ggaaaagatt cttttgatat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttca 354

<210> 571

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 571

Gln Ile Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Thr Leu Val Lys Pro Thr Gln

1 5 10 15

Thr Leu Thr Leu Thr Cys Thr Phe Ser Gly Phe Ser Leu Ser Thr Gly

20 25 30

Gly Val Ala Val Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu

35 40 45

Trp Leu Ala Ile Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys Arg Tyr Ser Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Thr Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val
65 70 75 80

Val Leu Thr Met Thr Asn Met Asp Pro Val Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 572
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 572
Gly Phe Ser Leu Ser Thr Gly Gly Val Ala
1 5 10

<210> 573
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 573
Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys
1 5

<210> 574
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 574
Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile
1 5 10

<210> 575
<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 575

tcctatgagc tgacacagcc accctcggtg tcagtgtccc caggacaaac ggccaggatc 60

acctgctctg gagatgcatt gccaagaaaa tatgcttatt ggtaccagca gaagtcaggc 120

caggcccctg tgctggtcat ctatgaggac aataaccgac cctccgggat ccctgagaga 180

ttctctggct ccagctcagg gacaacggcc accttgactg tcagtggggc ccaggtggaa 240

gatgaagctg actactactg ttactcaaca gacaccagtg gttatgtggt attcggcgga 300

gggaccaagt tgaccgtcct a 321

<210> 576

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 576

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Ala Leu Pro Arg Lys Tyr Ala

20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Glu Asp Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Gly Ala Gln Val Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val

85 90 95

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 577

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 577

Ala Leu Pro Arg Lys Tyr

1 5

<210> 578

<400> 578

000

<210> 579

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 579

Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val Val

1 5 10

<210> 580

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 580

cagatcacct tgaaggagtc tggtcctacg ctggtgaaac ccacacagac cctcacggtg 60

acctgcacct tctctgggtt ctcactcacc actggtggag aggctgtggg ctggatccgt 120

cagcccccag gaaaggccct ggagtggctt gcaatcattt attgggatga tgataagcgt 180

tacagcccat ctctgaagag caggctcacc atcaccaagg acacctccag aaaccaggtg 240

gtccttataa tgaccaacat ggaccctatg gacacagcca catattactg tgcacactgg 300

ggaaaagatt cttttgatat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttca 354

<210> 581

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 581

Gln Ile Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Thr Leu Val Lys Pro Thr Gln

1 5 10 15

Thr Leu Thr Val Thr Cys Thr Phe Ser Gly Phe Ser Leu Thr Thr Gly

20 25 30

Gly Glu Ala Val Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu

35 40 45

Trp Leu Ala Ile Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys Arg Tyr Ser Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Thr Lys Asp Thr Ser Arg Asn Gln Val

65 70 75 80

Val Leu Ile Met Thr Asn Met Asp Pro Met Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 582

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 582

Gly Phe Ser Leu Thr Thr Gly Gly Glu Ala

1 5 10

<210> 583

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 583

Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys

1 5

<210> 584

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 584

Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 585

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 585

tcccatgagc tgacacagcc accctcggtg tcagtgtccc caggacaaac ggccaggatc 60

acctgctctg gagatgaatt gtcaagaaaa tatgcttatt ggtaccagca gaagtcaggc 120

caggcccctg tgctggtcat ctatgaggac aacaaacgac cctccgggat ccctgagaga 180

ttctctggct ccagctcagg gacaacggcc accttgactg tcagtggggc ccaggtggac 240

gatgaagctg actactactg ttactcaaca gacaccagtg gttatgtggt attcggcgga 300

gggaccaagt tgaccgtcct a 321

<210> 586

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 586

Ser His Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Glu Leu Ser Arg Lys Tyr Ala

20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Glu Asp Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Gly Ala Gln Val Asp

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val

85 90 95

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 587

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 587

Glu Leu Ser Arg Lys Tyr

1 5

<210> 588

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 588

Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val Val

1 5 10

<210> 589

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 589

cagatcacct tgaaggagtc tggtcctacg ctggtgaaac ccacacagac cctcacgctg 60

acctgcacct tctctgggtt ctcactcacc actgctggag cggctgtggg ctggatccgt 120

cagcccccag gaaaggccct ggaatggctt gcaatcattt actgggatga tgataagcgt 180

tacagtccat ctctgaagaa caggctcacc atcaccaagg acacctccaa aaaccaggtt 240

gtccttacaa tgaccaacat ggaccctgtg gacacagcca catattactg tgcacactgg 300

ggaaaagatt cttttgatat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttca 354

<210> 590

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 590

Gln Ile Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Thr Leu Val Lys Pro Thr Gln

1 5 10 15

Thr Leu Thr Leu Thr Cys Thr Phe Ser Gly Phe Ser Leu Thr Thr Ala

20 25 30

Gly Ala Ala Val Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu

35 40 45

Trp Leu Ala Ile Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys Arg Tyr Ser Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Asn Arg Leu Thr Ile Thr Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val
65 70 75 80
Val Leu Thr Met Thr Asn Met Asp Pro Val Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Met Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 591
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 591
Gly Phe Ser Leu Thr Thr Ala Gly Ala Ala
1 5 10
<210> 592
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 592
Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys
1 5
<210> 593
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 593
Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile
1 5 10
<210> 594

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 594

tcctatgagc tgacacagcc accctcggtg tcagtgcccc caggacaaac ggccaggatc 60

acctgctctg gagatgcatt gccaacaaaa tatgcttatt ggtaccagca gaagtcaggc 120

caggcccctg tgctggtcat ctatgaggac aacaaacgac cctccgggat ccctgagaga 180

ttctctggct ccagctcagg gacaacggcc accttgactg tcagtggggc ccaggtggag 240

gatgaagctg acttctactg ttattcaaca gacaccagtg gttatgtagt attcggcgga 300

gggaccaagt tgaccgtcct a 321

<210> 595

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 595

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Pro Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Ala Leu Pro Thr Lys Tyr Ala

20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Glu Asp Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Gly Ala Gln Val Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Phe Tyr Cys Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val

85 90 95

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 596

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 596

Ala Leu Pro Thr Lys Tyr

1 5

<210> 597

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 597

Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val Val

1 5 10

<210> 598

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 598

cagatcacct tgaaggagtc tggtcctacg ctggtgaaac ccacacagac cctcacggtg 60

acctgcacct tctctgggtt ctcactcagc actggtggag aggctgtggg ctggatccgt 120

cagcccccag gaaaggccct ggagtggctt gcaatcattt attgggatga tgataagcgt 180

tacagcccat ctctgaagag taggctcacc atcaccaagg acacctccaa aaaccaggtg 240

gtccttacaa tgaccaacat ggaccctatg gacacagcca catattactg tgcacactgg 300

ggaaaagatt cttttgatat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttca 354

<210> 599

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 599

Gln Ile Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Thr Leu Val Lys Pro Thr Gln

1 5 10 15

Thr Leu Thr Val Thr Cys Thr Phe Ser Gly Phe Ser Leu Ser Thr Gly

20 25 30

Gly Glu Ala Val Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu

35 40 45

Trp Leu Ala Ile Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys Arg Tyr Ser Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Thr Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val
65 70 75 80

Val Leu Thr Met Thr Asn Met Asp Pro Met Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 600
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 600
Gly Phe Ser Leu Ser Thr Gly Gly Glu Ala
1 5 10

<210> 601
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 601
Ile Tyr Trp Asp Asp Asp Lys
1 5

<210> 602
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 602
Ala His Trp Gly Lys Asp Ser Phe Asp Ile
1 5 10

<210> 603
<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 603

tcccatgagc tgacacagcc accctcggtg tcagtgtccc caggacaaac ggccaggatc 60

acctgctctg gagatgaatt gtcaagaaaa tatgcttatt ggtaccagca gaagtcaggc 120

caggcccctg tgctggtcat ctatgaggac aacaaacgac cctccgggat ccctgagaga 180

ttctctggct ccagctcagg gacaacggcc accttgactg tcagtggggc ccaggtggac 240

gatgaagctg actactactg ttactcaaca gacaccagtg gttatgtggt attcggcgga 300

gggaccaagt tgaccgtcct a 321

<210> 604

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 604

Ser His Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Glu Leu Ser Arg Lys Tyr Ala

20 25 30

Tyr Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Glu Asp Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Gly Ala Gln Val Asp

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val

85 90 95

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 605

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 605

Glu Leu Ser Arg Lys Tyr

1 5

<210> 606

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 606

Tyr Ser Thr Asp Thr Ser Gly Tyr Val Val

1 5 10

<210> 607

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 607

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ctggtcaagc ctgggggGtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtactg gtagtagtta catattctac 180

gcagactcag tgaagggccg attcaccatg tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240

ctacaaatga acagcctgag agccgaagac acagctgtgt attactgtgc gaaaactggg 300

gatcttcctt tctttgacta ctggggccag ggaaccccgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 608

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 608

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

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

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Pro Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 609
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 609
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser
1 5
<210> 610
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 610
Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile
1 5
<210> 611
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 611
Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr
1 5 10
<210> 612
<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 612

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caagcagcag cactatggta 300

ttcggcggag ggaccaagtt gactgtctta 330

<210> 613

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 613

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser

85 90 95

Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 614

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 614

Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 615

<400> 615

000

<210> 616

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 616

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Met Val

1 5 10

<210> 617

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 617

gaggtgcacc tggtggagtc tgtgggaggc ctggtcaagc cgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtactg ggagtagtta catattctac 180

gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acagctgtgt attactgtgc gaaaactggg 300

gatcttcctt tctttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 618

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 618

Glu Val His Leu Val Glu Ser Val Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

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

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 619
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 619
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser
1 5

<210> 620
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 620
Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile
1 5

<210> 621
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 621
Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 622

<211> 330

<212

> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 622

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caagcagcag cactatggta 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 623

<211

> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 623

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser

85 90 95

Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 624

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 624

Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Tyr
1 5

<210> 625

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 625

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Met Val
1 5 10

<210> 626

<211> 354

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 626

Gly Ala Gly Gly Thr Ala Cys Ala Gly Cys Thr Gly Gly Thr Gly Gly
1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Thr Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Cys Cys Thr
20 25 30

Gly Gly Thr Cys Ala Ala Gly Cys Cys Thr Gly Gly Gly Gly Gly Gly
35 40 45

Thr Cys Cys Cys Thr Gly Ala Gly Ala Cys Thr Cys Thr Cys Cys Thr
50 55 60

Gly Thr Gly Ala Ala Gly Cys Cys Thr Cys Thr Gly Gly Ala Thr Thr
65 70 75 80

Cys Ala Ala Thr Thr Thr Cys Ala Gly Ala Ala Gly Cys Thr Ala Thr
85 90 95

Gly Cys Cys Cys Thr Gly Ala Ala Cys Thr Gly Gly Gly Thr Cys Cys
100 105 110

Gly Cys Cys Ala Gly Gly Cys Thr Cys Cys Ala Gly Gly Gly Ala Ala

115 120 125

Gly Gly Gly Gly Cys Thr Gly Gly Ala Gly Thr Gly Gly Gly Thr Cys

130 135 140

Thr Cys Ala Thr Cys Cys Ala Thr Thr Ala Gly Thr Ala Cys Thr Gly

145 150 155 160

Gly Thr Ala Gly Thr Ala Gly Thr Thr Ala Cys Ala Thr Ala Thr Thr

165 170 175

Cys Thr Ala Cys Gly Cys Ala Gly Ala Cys Thr Cys Ala Gly Thr Gly

180 185 190

Ala Ala Gly Gly Gly Cys Cys Gly Ala Thr Thr Cys Ala Cys Cys Ala

195 200 205

Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly Ala Gly Ala Cys Ala Ala Cys Gly Cys

210 215 220

Cys Ala Ala Gly Ala Ala Cys Thr Cys Ala Cys Thr Gly Thr Cys Thr

225 230 235 240

Cys Thr Gly Cys Ala Ala Ala Thr Gly Ala Ala Cys Ala Gly Cys Cys

245 250 255

Thr Gly Ala Gly Ala Gly Cys Cys Gly Ala Gly Gly Ala Cys Ala Cys

260 265 270

Ala Gly Cys Thr Gly Thr Gly Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Thr

275 280 285

Gly Cys Gly Ala Ala Ala Ala Cys Thr Gly Gly Gly Gly Ala Thr Cys

290 295 300

Thr Thr Cys Cys Thr Thr Thr Cys Thr Thr Thr Gly Ala Cys Thr Ala

305 310 315 320

Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys Cys Ala Gly Gly Gly Ala Ala Cys Cys

325 330 335

Cys Thr Gly Gly Thr Cys Ala Cys Cys Gly Thr Cys Thr Cys Cys Thr

340 345 350

Cys Ala

<210> 627

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 627

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Glu Ala Ser Gly Phe Asn Phe Arg Ser Tyr
20 25 30

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

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

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

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 628

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 628

Gly Phe Asn Phe Arg Ser Tyr Ala
1 5

<210> 629

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 629

Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile

1 5

<210> 630

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 630

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 631

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 631

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc atctcatata caagcagcag cactatggta 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 632

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 632

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ile Ser Tyr Thr Ser Ser

85 90 95

Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 633

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 633

Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 634

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 634

Ile Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Met Val

1 5 10

<210> 635

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 635

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ctggtcaagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagcg tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtactg gtagtagtta cattttctac 180

gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acagctgtgt attactgtgt gaaaactggg 300

gatcttcctt tctttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 636

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 636

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

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

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

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Val Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 637

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 637

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser
1 5

<210> 638

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 638

Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile

1 5

<210> 639

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 639

Val Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 640

<211> 330

<212

> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 640

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagaag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca ctaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caaacaacag cactatggta 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 641

<211

> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 641

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Arg Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Thr Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Asn Asn

85 90 95

Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 642

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 642

Arg Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 643

<400> 643

000

<210> 644

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 644

Ser Ser Tyr Thr Asn Asn Ser Thr Met Val

1 5 10

<210> 645

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 645

gaggtacagc tggtggagtc tgggggaggc ctggtcaagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatgccc tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtactg gtagtagtta catattctac 180

gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagca ctcactgtct 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acagctgtgt attactgtgc gaaaactggg 300

gatcttcctt tctttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 646

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 646

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

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

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

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 647

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 647

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ala
1 5

<210> 648

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 648

Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile

1 5

<210> 649

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 649

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 650

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 650

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc atctcatata caagcagcag cactatggtg 300

ttcggcggag ggaccaagtt gaccgtccta 330

<210> 651

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 651

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
50 55 60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65 70 75 80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ile Ser Tyr Thr Ser Ser
85 90 95
Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 652
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 652
Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Tyr
1 5
<210> 653
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 653
Ile Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Met Val
1 5 10
<210> 654
<211> 354
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 654
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ctggtcaagc ctgggggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtactg gtagtagtta catattctac 180
gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acagctgtgt attactgtgc gaaaactggg 300
gatcttcctt tctttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 655

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 655

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 656

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 656

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser

1 5

<210> 657

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 657

Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile

1 5

<210> 658

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 658

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 659

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 659

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caagcagtag cacgatggta 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 660

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 660

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser

85 90 95

Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 661

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 661

Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 662

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 662

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Met Val

1 5 10

<210> 663

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 663

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtga ctccatcagt aatagtaaat ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctttc atagtgggag caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatt tcagtagaca agtcccagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtgc gagatcagca 300

tctctttatt actactacgg tgtggacgtc tggggccaag ggaccacggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 664

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 664

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Asn Ser

20 25 30

Lys Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Phe His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Gln Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Ala Ser Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 665

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 665

Gly Asp Ser Ile Ser Asn Ser Lys Trp

1 5

<210> 666

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 666

Ile Phe His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 667

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 667

Ala Arg Ser Ala Ser Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Val Asp Val

1 5 10

<210> 668

<211> 324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 668

gaaattgtct tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga gagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc aacaactact tagcttggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtacatcca ggagggacac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaggatt ttgcagtgta ttactgtgag cagtatggta gtttgcctcg gacgttcggc 300

caagggacca aggtggaaat caaa 324

<210> 669

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 669

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Thr Ser Arg Arg Asp Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Glu Gln Tyr Gly Ser Leu Pro

85 90 95

Arg Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 670

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 670

Gln Ser Val Ser Asn Asn Tyr

1 5

<210> 671

<400> 671

000

<210> 672

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 672

Glu Gln Tyr Gly Ser Leu Pro Arg Thr

1 5

<210> 673

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 673

gagatgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttagt agtttttgga tgcgctgggt ccgtcaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtggccaat ataaagcaag atggaactga gaaatactat 180

gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggctgtat attactgtgt gagagatcgg 300

gtcgggggggg actattacta ctacgatatg gacgtctggg gccaagggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 674

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 674

Glu Met Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe

20 25 30

Trp Met Arg Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Thr Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Arg Asp Arg Val Gly Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Asp Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 675

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 675

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Trp

1 5

<210> 676

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 676

Ile Lys Gln Asp Gly Thr Glu Lys

1 5

<210> 677

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 677

Val Arg Asp Arg Val Gly Gly Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Asp Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 678

<211> 321

<212> DNA

<213

> Homo sapiens

<400> 678

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca ggacattagc aattatttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagtccct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagcgg ggtcccatca 180

aagttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcgg cctgcagcct 240

gaagattctg caacttatta ctgtcaacag tataatagtt accctcggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 679

<211> 107

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 679

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Lys Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Arg
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 680
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 680
Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
1 5

<210> 681
<211> 9
<212> PRT

<213> Homo sapiens
<400> 681
Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Arg Thr
1 5

<210> 682
<211> 369
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 682
gaagtgcggc tggtggagtc tgggggagcc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt catctttgat ggttatgcca tgcactgggt ccggcaagtt 120
ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaggt attagttgga atagtggtaa cataggctat 180
gcggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agctgaggac acggccttgt attactgtgc aaaagatata 300

aggccttcgg gaaagtacta ttacggtatg gacgtctggg gccaagggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 683

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 683

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Ala Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ile Phe Asp Gly Tyr

20 25 30

Ala Met His Trp Val Arg Gln Val Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Asn Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Ile Arg Pro Ser Gly Lys Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 684

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 684

Gly Phe Ile Phe Asp Gly Tyr Ala

1 5

<210> 685

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 685

Ile Ser Trp Asn Ser Gly Asn Ile

1 5

<210> 686

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 686

Ala Lys Asp Ile Arg Pro Ser Gly Lys Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 687

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 687

gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc aggcaagtca ggacattaga aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatcg 180

aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgataagc tccttttcat tttcggccct 300

gggaccaaag tggatatcaa a 321

<210> 688

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 688

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asn Tyr

20 25 30

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

Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Lys Leu Leu Phe
85 90 95
Ile Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 689
<211> 6

<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 689
Gln Asp Ile Arg Asn Tyr
1 5

<210> 690
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 690
Gln Gln Tyr Asp Lys Leu Leu Phe Ile
1 5

<210> 691
<211> 360
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 691
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag tctctggatt caccttcagt aactatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggtgtg ggtggcagtt atatcatatg aaggaagtat taaatattat 180

ggagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaggggca 300

gtggctggca atgatgcttt tgatatctgg ggccaaggta caatggtcac cgtctcttca 360

<210> 692

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 692

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
35 40 45

Ala Val Ile Ser Tyr Glu Gly Ser Ile Lys Tyr Tyr Gly Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Arg Gly Ala Val Ala Gly Asn Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 693

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 693

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Gly
1 5

<210> 694

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 694

Ile Ser Tyr Glu Gly Ser Ile Lys

1 5

<210> 695

<211> 13

<212> PRT

<213>

Homo sapiens

<400> 695

Ala Arg Gly Ala Val Ala Gly Asn Asp Ala Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 696

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 696

gatgttgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccttggaca gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca aagcctcgta tacagtgatg gaaacaccta cttgatttgg 120

tttcagcaga ggccaggcca atctccaagg cgcctaattt ataaggtttc taatcgggac 180

tctggggtcc cagacagatt cagcggcggt gggtcaggca ctgatttcac actgaaaatc 240

agcagggtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaaggtac acactggcct 300

ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 697

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 697

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

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser

20 25 30

Asp Gly Asn Thr Tyr Leu Ile Trp Phe Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Arg Arg Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Asp Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
85 90 95
Thr His Trp Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 698
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 698
Gln Ser Leu Val Tyr Ser Asp Gly Asn Thr Tyr
1 5 10
<210> 699
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 699
Met Gln Gly Thr His Trp Pro Leu Thr
1 5
<210> 700
<211> 363
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 700
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60
tcctgcaagg catctggata caccttcacc agctactgta tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggaata atcaacccta gtggtggtgg cacaatcttc 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgac cacagtctac 240

atggagttgg gcagcctgag atctgacgac acggccctgt attactgtgc gcgagggtgg 300

tcttacgatt tttggagtgg ccctgactac tggggccagg gaaccctggt ctccgtctcc 360

tct 363

<210> 701

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 701

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Cys Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Gly Thr Ile Phe Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Thr Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Gly Trp Ser Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Pro Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Ser Val Ser Ser

115 120

<210> 702

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 702

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Cys

1 5

<210> 703

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 703

Ile Asn Pro Ser Gly Gly Gly Thr

1 5

<210> 704

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 704

Ala Arg Gly Trp Ser Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Pro Asp Tyr

1 5 10

<210> 705

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 705

gatattgtga tgacccagac tccactctct ctgtccgtca cccctggaca gccggcctcc 60

atctcctgca agtctagtca gagcctcctg catagtgatg gaaagaccta tttgtattgg 120

tacctgcaga agccaggcca gcctccacag ctcctgatct atgaagtttc caaccggttc 180

tctggagtgc cagataggtt cagtggcagc gggtcaggga cagatttcac actgaaaatc 240

agccgggtgg gggctgagga tgttgggatt tattattgca tgcacagtat aaagcttcct 300

ccgacgttcg gccaagggac caaggtggaa atcaaa 336

<210> 706

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 706

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro
35 40 45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Gly Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met His Ser

85 90 95
Ile Lys Leu Pro Pro Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 707

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 707

Gln Ser Leu Leu His Ser Asp Gly Lys Thr Tyr
1 5 10

<210> 708

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 708

Met His Ser Ile Lys Leu Pro Pro Thr
1 5

<210> 709

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 709

caggtgcacc tggtggagtc tgggggaggc atggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt atctatgcca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatcatatg atggaagtaa taaatattat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc gaaagtctat 300

ggtgggagct actgggggggg ctttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 710

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 710

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

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

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

Ala Val Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Lys Val Tyr Gly Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 711

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 711

Gly Phe Thr Phe Ser Ile Tyr Ala
1 5

<210> 712

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 712

Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asn Lys

1 5

<210> 713

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 713

Ala Lys Val Tyr Gly Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 714

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 714

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60

tcctgcactg ggaccagctc caacatcggg tcaatttatg atgtacactg gtaccagcag 120

cttccaggaa cagcccccaa actcctcatc tatggtaaca gcaatcggcc ctcaggggtc 180

cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcggcct ccctggccat cactgggctc 240

caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acaccagcct gagtggttct 300

tgggtgttcg gcggagggac caagctgaac gtccta 336

<210> 715

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 715

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asn Ile Gly Ser Ile

20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Thr Ser

85 90 95

Leu Ser Gly Ser Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Asn Val Leu

100 105 110

<210> 716

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 716

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Ile Tyr Asp

1 5

<210> 717

<400> 717

000

<210> 718

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 718

Gln Ser Tyr Asp Thr Ser Leu Ser Gly Ser Trp Val

1 5 10

<210> 719

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 719

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agttatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtgtcagtt atatggtatg atggaactaa taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaggga 300

gtggaattca ctgggtactt tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 720

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 720

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

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

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

Ser Val Ile Trp Tyr Asp Gly Thr Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

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

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

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

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 721

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 721

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly

1 5

<210> 722

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 722

Ile Trp Tyr Asp Gly Thr Asn Lys

1 5

<210> 723

<211> 13

<212> PRT

<213>

Homo sapiens

<400> 723

Ala Arg Glu Gly Val Glu Phe Thr Gly Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 724

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 724

tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagataaatt gggggataaa tatgcttgct ggtatcagca gaagccaggc 120

cagtcccctg tgctggtcat ctatcaagat agcaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg accagcaaca ctgcagtggt attcggcgga 300

gggaccaagc tgaccgtcct a 321

<210> 725

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 725

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
20 25 30
Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45

Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Thr Ser Asn Thr Ala Val
85 90 95
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 726

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 726

Lys Leu Gly Asp Lys Tyr
1 5

<210> 727

<400> 727

000

<210> 728

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 728

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

<210> 729

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 729

caggtgcagc tcgtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agttatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atctggtatg atggaagtaa taaattctat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacactgtat 240

ctgcaaatga acagcctaaa agccgaagac acggctgtgt attactgtgc gagagatacc 300

tggatcgggg agtccgatac tagctggctc gacccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 730

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 730

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Phe Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Thr Trp Ile Gly Glu Ser Asp Thr Ser Trp Leu Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 731

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 731

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly

1 5

<210> 732

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 732

Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys

1 5

<210> 733

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 733

Ala Arg Asp Thr Trp Ile Gly Glu Ser Asp Thr Ser Trp Leu Asp Pro

1 5 10 15

<210> 734

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 734

tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc cgggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagataaatt gggggataaa tatgcttgct ggtatcaaca gaagccaggc 120

cagtcccctg tattaatcgt ctatcaagat agcaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg attattactg tcaggcgtgg gacagcttca ctgccgtggt attcggcgga 300

gggaccaagc tgaccgtcct a 321

<210> 735

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 735

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

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

Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Ile Val Tyr
35 40 45

Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Phe Thr Ala Val
85 90 95

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 736

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 736

Lys Leu Gly Asp Lys Tyr
1 5

<210> 737

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 737

Gln Ala Trp Asp Ser Phe Thr Ala Val Val
1 5 10

<210> 738

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 738

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gcggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtagag cgtctggatt caccttcagt agttttggca tgaattgggt ccgccaggtt 120

ccaggcaagg ggctggtatg ggtggcaggt atatggtatg atggaaggaa taagtactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaga attccaagaa tatgctgtat 240

ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcaa 300

gatagtggtt tcgatggcaa ctggttcggc ccctggggcc agggaaccat ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 739

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 739

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Ala Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Val Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ala Gly Ile Trp Tyr Asp Gly Arg Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Glu Asn Ser Lys Asn Met Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gln Asp Ser Gly Phe Asp Gly Asn Trp Phe Gly Pro Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 740

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 740

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Gly

1 5

<210> 741

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 741

Ile Trp Tyr Asp Gly Arg Asn Lys

1 5

<210> 742

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 742

Ala Arg Asp Gln Asp Ser Gly Phe Asp Gly Asn Trp Phe Gly Pro

1 5 10 15

<210> 743

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 743

tcctatgaac tgactcagcc accctcaatg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagataactt gggggataaa tatgtttgct ggtatcaaca gaggccaggc 120

cagtcccctg tgatggtcat ctttcaagat agcacgcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg aaacacagcc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcaaca ctgcggtatt cggcggaggg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 744

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 744

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

20 25 30
Cys Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ser Pro Val Met Val Ile Phe
35 40 45
Gln Asp Ser Thr Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Asn Thr Ala Val

85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 745

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 745

Asn Leu Gly Asp Lys Tyr
1 5

<210> 746

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 746

Gln Ala Trp Asp Ser Asn Thr Ala Val
1 5

<210> 747

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 747

caggttcagc tggtgcagtc tggaactgag atgaaggagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggtta cacctttacc aactatggta tcacctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg ctcaacacta acaatgggga cacaaactat 180

gctcagaaac tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagcctac 240

atggaactga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attattgtgc gcgagactcg 300

gtgactacgt atgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 748

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 748

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Thr Glu Met Lys Glu Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Gly Ile Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Leu Asn Thr Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Ser Val Thr Thr Tyr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 749

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 749

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Gly

1 5

<210> 750

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 750

Leu Asn Thr Asn Asn Gly Asp Thr

1 5

<210> 751

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 751

Ala Arg Asp Ser Val Thr Thr Tyr Asp Tyr

1 5 10

<210> 752

<211> 324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 752

tcctatgaac tgacacagcc accctcggtg tcagtgtccc caggacaaac ggccaggatc 60

acctgctctg gagatgcatt gccaaaaaaa tatgcttatt ggttccagca gaagtcagcc 120

caggcccctg tgctggtcat ctatgaggac agcaaacgac cctccgggat ccctgagaga 180

ttctctggct ccagctcagg gacaatggcc accttgacta tcaatggggc ccaggtggag 240

gatgaagctg cctactactg ttattcattg gacagcagtg gtaatcattg ggtgttcggc 300

ggagggacca agttgaccgt ccta 324

<210> 753

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 753

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

Tyr Trp Phe Gln Gln Lys Ser Ala Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45
Glu Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Ser Ser Gly Thr Met Ala Thr Leu Thr Ile Asn Gly Ala Gln Val Glu
65 70 75 80
Asp Glu Ala Ala Tyr Tyr Cys Tyr Ser Leu Asp Ser Ser Gly Asn His
85 90 95

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 754
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 754
Ala Leu Pro Lys Lys Tyr
1 5
<210> 755
<400> 755
000
<210> 756
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 756
Tyr Ser Leu Asp Ser Ser Gly Asn His Trp Val
1 5 10
<210> 757
<211> 333

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 757

caggttcaac tacagcagtg gggcgcagga ctggtgaaga cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctatggtgg gtctttcaat gatcactatt ggagctggat ccgacagccc 120

ccaggaaagg gactggagtg gattggggaa atcaatcata gtggaagcac caactacaat 180

ccgtccctca agagtcgagt caccatgtca ctggacacgt ccaagaacca gttctccctc 240

aagttgaggt ctttgaccgc cgcggacacg gctatgtatt actgtgcgat tgagggaatc 300

tggggccagg gagccatggt caccgtctcc tca 333

<210> 758

<211> 111

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 758

Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Val Lys Thr Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Tyr Gly Gly Ser Phe Asn Asp His

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Met Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Arg Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Ile Glu Gly Ile Trp Gly Gln Gly Ala Met Val Thr Val Ser Ser

100 105 110

<210> 759

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 759

Gly Gly Ser Phe Asn Asp His Tyr

1 5

<210> 760

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 760

Ile Asn His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 761

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 761

Ala Ile Glu Gly Ile

1 5

<210> 762

<211> 324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 762

tcctatgagc tgacacagcc accctcggtg tcagtgtccc caggacaaac ggccaggatc 60

acctgctctg gagatgcatt gccaattaaa tatgttcatt ggtaccagca gaagtcaggc 120

caggcccctg tgctggtcat ctatgaggac agcaaacgac cctccgggat ccctgagaga 180

atctctggct ccagctcagg gacaatggcc accttgacta tgagtggggc ccaggtggag 240

gatgaagctg actactactg ttactcaaca gacagcagtg gtaatcattg ggtgttcggc 300

ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 763

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 763

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Ala Leu Pro Ile Lys Tyr Val

20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Glu Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Ile Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Thr Met Ala Thr Leu Thr Met Ser Gly Ala Gln Val Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Tyr Ser Thr Asp Ser Ser Gly Asn His

85 90 95

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 764

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 764

Ala Leu Pro Ile Lys Tyr

1 5

<210> 765

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 765

Tyr Ser Thr Asp Ser Ser Gly Asn His Trp Val

1 5 10

<210> 766

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 766

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaagtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cgccttcagt agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcacgg ggctggagtg gttggcaatt atatcatttg aaggaactaa aaaatactat 180

gcagactcca tgaagggccg aatcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagtttgag agctgaggac acggctgtgt attactgtgc ggctgactat 300

ggtgactacg acgactatta ctacggtgtg cacgtctggg gccaagggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 767

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 767

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Lys

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ala Phe Ser Ser Phe

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Thr Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Ala Ile Ile Ser Phe Glu Gly Thr Lys Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Met

50 55 60

Lys Gly Arg Ile Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Ala Asp Tyr Gly Asp Tyr Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Val His Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 768

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 768

Gly Phe Ala Phe Ser Ser Phe Gly

1 5

<210> 769

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 769

Ile Ser Phe Glu Gly Thr Lys Lys

1 5

<210> 770

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 770

Ala Ala Asp Tyr Gly Asp Tyr Asp Asp Tyr Tyr Tyr Gly Val His Val

1 5 10 15

<210> 771

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 771

gacatccaaa tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcgagtca gggcattgcc aattatttag cctggtatca gcagaaaccg 120

gggaaagttc ctaagctcct gatctatgct acatccactt tgcaatcagg ggtcccatct 180

cggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatgttg caatttatta ctgtcaaaag tatgacagtg ccccattcac tttcggccct 300

gggaccaaag tggatttcaa a 321

<210> 772

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 772

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ala Asn Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Thr Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Ile Tyr Tyr Cys Gln Lys Tyr Asp Ser Ala Pro Phe

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Phe Lys

100 105

<210> 773

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 773

Gln Gly Ile Ala Asn Tyr

1 5

<210> 774

<400> 774

000

<210> 775

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 775

Gln Lys Tyr Asp Ser Ala Pro Phe Thr

1 5

<210> 776

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 776

caggtgcacc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccttcagc cagattaact ggtggagttg ggtccgccag 120

tccccaggaa aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggag taccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatg tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctggcgctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gaggggggtat 300

tatggtgaca actggttcga ctcctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 777

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 777

Gln Val His Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Phe Ser Gln Ile

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Ala Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 778

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 778

Gly Gly Ser Phe Ser Gln Ile Asn Trp

1 5

<210> 779

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 779

Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 780

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 780

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 781

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 781

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgctt ctataggcga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc aactggttag tctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaagtccct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctaa ccatcagcag cctgcatcct 240

gaagattttg caacttatta ctgccaacag tatagtgatt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 782

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 782

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp

20 25 30

Leu Val Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu His Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asp Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 783

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 783

Gln Gly Ile Ser Asn Trp

1 5

<210> 784

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 784

Gln Gln Tyr Ser Asp Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 785

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 785

caggtgcacc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccttcagc cagattaact ggtggagttg ggtccgccag 120

tccccaggaa aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atagtgggaa caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatg tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctggcgctga actctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attattgtgc gaggggggtat 300

tatggtgaca actggttcga ctcctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 786

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 786

Gln Val His Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Phe Ser Gln Ile

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Ala Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 787

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 787

Gly Gly Ser Phe Ser Gln Ile Asn Trp

1 5

<210> 788

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 788

Ile Tyr His Ser Gly Asn Thr

1 5

<210> 789

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 789

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 790

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 790

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgctt ctataggcga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc agctggttag tctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaagtccct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcatcct 240

gaagattttg caacttatta ctgccaacag tatagtgatt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 791

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 791

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Val Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu His Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asp Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 792

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 792

Gln Gly Ile Ser Ser Trp

1 5

<210> 793

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 793

Gln Gln Tyr Ser Asp Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 794

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 794

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgttg tctctggtgg ctccttcagc aatactaatt ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccagaaa aggggctgga gtggattggg gaagtctatc atagtgggag caccaactac 180

aacccgtccc tcatgaatcg agtcaccata tcagtagaca agtccaggaa ccagttctcc 240

ctgaacctga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtgt atttctgtgc gaggggggtat 300

tatggtgaca attggttcga ctcctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 795

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 795

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Val Val Ser Gly Gly Ser Phe Ser Asn Thr

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Glu Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Val Tyr His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Met Asn Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Arg Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Asn Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 796

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 796

Gly Gly Ser Phe Ser Asn Thr Asn Trp

1 5

<210> 797

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 797

Val Tyr His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 798

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 798

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 799

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 799

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcatc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc agttggttag cctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaagtccct gatctattct gcatccactt tgcaaagtgg agtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgccaacag tctaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tcgagatcaa a 321

<210> 800

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 800

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Ile Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 801

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 801

Gln Gly Ile Ser Ser Trp

1 5

<210> 802

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 802

Gln Gln Ser Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 803

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 803

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgttg tctctggtgg ctccttcacc aatactaatt ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaagtctatc atagtgggag caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaacctga cttctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtgc gaggggggtat 300

tatggtgaca attggttcga ctcctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 804

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 804

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Val Val Ser Gly Gly Ser Phe Thr Asn Thr

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Val Tyr His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Asn Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 805

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 805

Gly Gly Ser Phe Thr Asn Thr Asn Trp

1 5

<210> 806

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 806

Val Tyr His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 807

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 807

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 808

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 808

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc agctggttag cctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaagtccct gatctattct gcatccactt tgcaaagtgg agtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgccaacag tctaatagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tcgagatcaa a 321

<210> 809

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 809

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 810

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 810

Gln Gly Ile Ser Ser Trp

1 5

<210> 811

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 811

Gln Gln Ser Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 812

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 812

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgttg tctctggtgg ctccttcagc aatactaatt ggtggagttg ggtccgccag 120

cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaagtctttc atagtgggag caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaacctga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attactgtgc gaggggggtat 300

tatggtgaca attggttcga ctcctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 813

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 813

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Val Val Ser Gly Gly Ser Phe Ser Asn Thr

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Val Phe His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Asn Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 814

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 814

Gly Gly Ser Phe Ser Asn Thr Asn Trp

1 5

<210> 815

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 815

Val Phe His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 816

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 816

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 817

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 817

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc agctggttgg cctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaaggccct gatctattct gcatccactt tgcaaagtgg agtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagatgttg cgacttatta ctgccaacag tctagtagtt accctctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tcgagatcaa a 321

<210> 818

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 818

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ala Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ser Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 819

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 819

Gln Gly Ile Ser Ser Trp

1 5

<210> 820

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 820

Gln Gln Ser Ser Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 821

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 821

caggtgcacc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccttcagc cagattaact ggtggagttg ggtccgccag 120

tccccaggaa aggggctgga gtggattgga gaaatctatc atagtgggag caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatg tccgtagaca agtccaagaa ccacttctcc 240

ctggcgttga attctgtgac cgccgcggac acggccgtgt attattgtgc gcgggggtat 300

tatggtgaca actggttcga ctcatggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 822

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 822

Gln Val His Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Phe Ser Gln Ile

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn His Phe Ser

65 70 75 80

Leu Ala Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 823

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 823

Gly Gly Ser Phe Ser Gln Ile Asn Trp

1 5

<210> 824

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 824

Ile Tyr His Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 825

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 825

Ala Arg Gly Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 826

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 826

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgctt ctataggcga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggtattagc aactggttag tctggtatca gcagaaacca 120

gagaaagccc ctaagtccct gatctatgct gcttccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

cggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgcatcct 240

gaagattttg catcttatta ctgccaacag tatagtgatt accctctcac tttcggcggc 300

gggaccaggg tggagatcaa a 321

<210> 827

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 827

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp

20 25 30

Leu Val Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Glu Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu His Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Ser Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asp Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Arg Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 828

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 828

Gln Gly Ile Ser Asn Trp

1 5

<210> 829

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 829

Gln Gln Tyr Ser Asp Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 830

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 830

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggggt caccgtcagt agtaactaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctaagagt cgaggacacg gccgtatatt actgtgcgag agacataggg 300

gactacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 831

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 831

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Val Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Ile Gly Asp Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 832

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 832

Gly Val Thr Val Ser Ser Asn Tyr

1 5

<210> 833

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 833

Ala Arg Asp Ile Gly Asp Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 834

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 834

gacatccagt tgacccaggc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagactcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagc agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaagatcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtcaacag cttaatagtt acccgctcat tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 835

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 835

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ala Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Leu Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ile Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 836

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 836

Gln Gln Leu Asn Ser Tyr Pro Leu Ile

1 5

<210> 837

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 837

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt aattatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgttt atttctgtgt gagagaaact 300

gttacggacg gtatggacgt ctggggccaa gggaccacgg tcaccgtctc ccta 354

<210> 838

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 838

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Val Arg Glu Thr Val Thr Asp Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Thr Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 839

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 839

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Gly

1 5

<210> 840

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 840

Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys

1 5

<210> 841

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 841

Val Arg Glu Thr Val Thr Asp Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 842

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 842

aacatccaga tgacccagtc tccatctgcc atgtctgcat ctgtgggaga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgaggca ggacattagc aattatttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagtcc ctaagcacct gatctatgct gcatccagtt tgctaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtctacac cataatggtt acccgtggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 843

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 843

Asn Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ala Met Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Arg Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys His Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Leu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu His His Asn Gly Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 844

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 844

Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

1 5

<210> 845

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 845

Leu His His Asn Gly Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 846

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 846

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggt ttggtacagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt ctctacgaca tgcactgggt ccgtcaagca 120

acaggaaaag gtctggagtg ggtcgcaggt gttggtattg ccggtgacac catctatcca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagagaatg ccaagaactc cttctttctt 240

caaatgaaca gactgagagc cggggacacg gctgtgtatt actgtgtaag aggaggaact 300

ggaacaactt tctttgatta ctggggccag ggagtcctgg tcaccgtctc ctct 354

<210> 847

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 847

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

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

Asp Met His Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Gly Val Gly Ile Ala Gly Asp Thr Ile Tyr Pro Asp Ser Val Lys
50 55 60
Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Glu Asn Ala Lys Asn Ser Phe Phe Leu
65 70 75 80
Gln Met Asn Arg Leu Arg Ala Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
85 90 95

Arg Gly Gly Thr Gly Thr Thr Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Val
100 105 110
Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 848
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 848
Gly Phe Thr Phe Ser Leu Tyr Asp
1 5

<210> 849
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 849
Val Gly Ile Ala Gly Asp Thr
1 5

<210> 850
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 850

Val Arg Gly Gly Thr Gly Thr Thr Phe Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 851

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 851

gacatccaga tgacccagtc tccatcttca ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

gtcacttgtc gggcgagtca ggacattacc aattatttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagtccct gatctatagt gcatccagtt tgcaaggtgg gacccctca 180

aagttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca ccatcagcag cctccagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgccagcag tataatagtt tcccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 852

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 852

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

Asp Arg Val Thr Val Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45

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

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 853

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 853

Gln Asp Ile Thr Asn Tyr

1 5

<210> 854

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 854

Gln Gln Tyr Asn Ser Phe Pro Leu Thr

1 5

<210> 855

<211> 372

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 855

gaggtgaagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc gggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agccacgcca tgtactgggt ccgtcaaatt 120

ccaggaaaag gtctggagtg ggtcgcaggt attggtgttg ctggcgacac attttatcca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagaaaatg ccaacaactc cttgtctctt 240

caaatggaca gcctgagaac cggggacacg gctatatatt actgtgtcag agatggttat 300

agtgggagct acccttacca ctactacggt atggacgtct ggggccaagg gatcacggtc 360

gtcgtctcct ca 372

<210> 856

<211> 124

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 856

Glu Val Lys Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Arg Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser His

20 25 30

Ala Met Tyr Trp Val Arg Gln Ile Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gly Ile Gly Val Ala Gly Asp Thr Phe Tyr Pro Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Glu Asn Ala Asn Asn Ser Leu Ser Leu

65 70 75 80

Gln Met Asp Ser Leu Arg Thr Gly Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys Val

85 90 95

Arg Asp Gly Tyr Ser Gly Ser Tyr Pro Tyr His Tyr Tyr Gly Met Asp

100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Ile Thr Val Val Val Ser Ser

115 120

<210> 857

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 857

Gly Phe Thr Phe Ser Ser His Ala

1 5

<210> 858

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 858

Ile Gly Val Ala Gly Asp Thr

1 5

<210> 859

<211> 18

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 859

Val Arg Asp Gly Tyr Ser Gly Ser Tyr Pro Tyr His Tyr Tyr Gly Met
1 5 10 15

Asp Val

<210> 860

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 860

gacatccagt tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagtgtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca gggcattgac acttatttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagtccct gatctatgtt gcatccagtt tacagagtgg ggtcccatca 180

aaattcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgctgcct 240

gaagattttg caacttatta ctgccaacag tataagagtt acccgtggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 861

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 861

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

Asp Ser Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asp Thr Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45

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

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

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Lys Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 862

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 862

Gln Gly Ile Asp Thr Tyr

1 5

<210> 863

<400> 863

000

<210> 864

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 864

Gln Gln Tyr Lys Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 865

<211> 345

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 865

gaggcgcagt tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagt ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtatag cctctggatt aaccgtcaat agcaactaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg gactggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtaccac attctacgca 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgacta gtctgagagc cgaggacacg gccgtgtatt attgtgcgag agagggatac 300

ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 866

<211> 115

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 866

Glu Ala Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Ser Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ile Ala Ser Gly Leu Thr Val Asn Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Thr Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Thr Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Glu Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 867

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 867

Gly Leu Thr Val Asn Ser Asn Tyr

1 5

<210> 868

<211

> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 868

Ile Tyr Ser Gly Gly Thr Thr

1 5

<210> 869

<211> 324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 869

tcctatgtgc tgactcagcc accctcagtg tcagtggccc caggaaagac ggccaggata 60

aactgtgggg gaaataattt tggaagtaaa agtgtgcact ggtaccagca gaagccaggc 120

caggcccctg tgctggtcat ctattatgat agcgaccggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactcagg gaacacggcc accctgacca tcagcagggt cgaagccggg 240

gatgaggccg actattactg tcaggtgtgg gataatagta gtgatcattt tgtcttcgga 300

gctgggacca aggtcaccgt ccta 324

<210> 870

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 870

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

Thr Ala Arg Ile Asn Cys Gly Gly Asn Asn Phe Gly Ser Lys Ser Val
20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45

Tyr Asp Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Val Trp Asp Asn Ser Ser Asp His
85 90 95

Phe Val Phe Gly Ala Gly Thr Lys Val Thr Val Leu
100 105

<210> 871

<

211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 871

Asn Phe Gly Ser Lys Ser

1 5

<210> 872

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 872

Gln Val Trp Asp Asn Ser Ser Asp His Phe Val

1 5 10

<210> 873

<211> 372

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 873

gaagtgaagt tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacattcagt agccacgcca tgtactgggt ccgtcaaagt 120

ccaggaaaag gtctggagtg ggtctcaggt attggtgttg ctggtgacac attttatgta 180

gactccgtga agggccgatt caccatctcc agagaaaatg ccaggaactc cttgtctctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cggggacacg gctgtttatt actgtgccag agatggttat 300

agtgggaccc acccttacca cttctacggt atggacgtct ggggccaagg gatcacggtc 360

gtcgtctcct ca 372

<210> 874

<211> 124

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 874

Glu Val Lys Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser His

20 25 30

Ala Met Tyr Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Gly Val Ala Gly Asp Thr Phe Tyr Val Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Glu Asn Ala Arg Asn Ser Leu Ser Leu

65 70 75 80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Gly Tyr Ser Gly Thr His Pro Tyr His Phe Tyr Gly Met Asp

100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Ile Thr Val Val Val Ser Ser

115 120

<210> 875

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 875

Gly Phe Thr Phe Ser Ser His Ala

1 5

<210> 876

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 876

Ile Gly Val Ala Gly Asp Thr

1 5

<210> 877

<211> 18

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 877

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Gly Thr His Pro Tyr His Phe Tyr Gly Met

1 5 10 15

Asp Val

<210> 878

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 878

gacatccaga tgacccagtc tccatcctca ctgtctgcat ctgtaggaga cagtgtcacc 60

atcacttgtc gggcgagtca ggacattaac acttatttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagtccct gatctatgtt gcatccagtt tacagagtgg ggtcccatca 180

aagttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctgctgcct 240

gaagattttg caacttatta ttgccaacag tataaaagtt acccgtggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 879

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 879

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Ser Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Asn Thr Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Lys Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Leu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Lys Ser Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 880

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 880

Gln Asp Ile Asn Thr Tyr

1 5

<210> 881

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 881

Gln Gln Tyr Lys Ser Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 882

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 882

gaggtgcaac tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggGtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggct caccgtcagt agcaattaca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcagtt atttatagcg gtggtagtac attctacaca 180

gattccgtga agggccgatt caccatctcc agagacaact ccaagaacac gctgaatctt 240

caaatgaaca gtctgcgagc cgaggacacg gccgtgtatt attgtgcgag agatctgggg 300

atacgcgggg gtatggacgt ctggggccaa gggaccacgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 883

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 883

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Phe Tyr Thr Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Asn Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Asp Leu Gly Ile Arg Gly Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 884

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 884

Ala Arg Asp Leu Gly Ile Arg Gly Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 885

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 885

gacatccagt tgatccagtc tccatccttc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgct gggccagtca gggcattagt agttatttag cctggtatca gcaaaaacca 120

gggaaagccc ctaacctcct gatctatgct gcatccactt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaggattttg caacttatta ctgtcaacag cttgatggtt ccctcacttt cggcggaggg 300

accaaggtgg agatcaaa 318

<210> 886

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 886

Asp Ile Gln Leu Ile Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Trp Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asp Gly Ser Leu Thr

85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 887

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 887

Gln Gln Leu Asp Gly Ser Leu Thr

1 5

<210> 888

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 888

caggtgcagg tagtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgttcag cgtctggatt caccttcagc acctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taagtactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcatcatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga gcagtctgag acccgatgac acggctgtgt attattgtgt gagagaggga 300

gtggctgacg gtatgggcgt ctggggccaa gggaccacag tcaccgtctc ttca 354

<210> 889

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 889

Gln Val Gln Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Ser Leu Arg Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg Glu Gly Val Ala Asp Gly Met Gly Val Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 890

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 890

Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Gly

1 5

<210> 891

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 891

Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys

1 5

<210> 892

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 892

Val Arg Glu Gly Val Ala Asp Gly Met Gly Val

1 5 10

<210> 893

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 893

aacatccaga tgacccagtc tccatctgcc atgtctgcat ctgtgggaga cagagtcacc 60

atcacttgtc gggcgaggca ggacattagc acttacttag cctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagtcc ctaagcacct gatctatgct gcgtctactt tgctaagtgg ggtcccatca 180

aggttcggcg gcagtggttc tgggacagaa ttcactctca caatcaccag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtctacac cataataatt atccgtggac gttcggccaa 300

gggaccaagg tggaaatcaa a 321

<210> 894

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 894

Asn Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ala Met Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Arg Gln Asp Ile Ser Thr Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys His Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Leu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Gly Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Thr Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu His His Asn Asn Tyr Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 895

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 895

Gln Asp Ile Ser Thr Tyr

1 5

<210> 896

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 896

Leu His His Asn Asn Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 897

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 897

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccattaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa taccaactat 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccttg tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtat attattgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccagggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 898

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 898

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Leu Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 899

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 899

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 900

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 900

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 901

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 901

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 902

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 902

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatctccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatattggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag taatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 903

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 903

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Ser Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 904

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 904

Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 905

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 905

Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 906

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 906

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtggaaa caccaactac 180

agcccgtccc tcaagagtcg agtctccata tcagtagaca agtccaagaa ccacttctcc 240

ctgaacctga cctctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatgtcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 907

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 907

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Ser Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn His Phe Ser
65 70 75 80

Leu Asn Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Val Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 908

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 908

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 909

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 909

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 910

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 910

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Val Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 911

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 911

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaagcagcag tgatgttggt ggttataatt atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag caatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 912

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 912

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
20 25 30
Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
35 40 45
Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
50 55 60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80
Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn
85 90 95
Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu
100 105 110

<210> 913
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 913
Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr
1 5

<210> 914
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 914
Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Asn Val Val
1 5 10

<210> 915
<211> 360
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 915
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60
acctgcgctg tctctggagg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tcccccggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa caccaactac 180

aatccgtccc tcaagagtcg actcaccata tcaatagaca agtccaagaa ccacttctcc 240

atgaagctgc actctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagaactctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga ctttggtcac cgtctcttca 360

<210> 916

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 916

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

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

Met Lys Leu His Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 917

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 917

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp
1 5

<210> 918

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 918

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 919

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 919

Ala Arg Thr Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 920

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 920

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacac 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtta gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag caatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 921

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 921

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln His His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 922

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 922

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 923

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 923

Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 924

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 924

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ttccattaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa taccaactat 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatg tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagacctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccagggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 925

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 925

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Pro Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 926

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 926

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp
1 5

<210> 927

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 927

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 928

<211> 13

<212> PRT

<213>

Homo sapiens

<400> 928

Ala Arg Pro Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 929

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 929

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatctccatc 60

tcctgcactg gaaccaacag tgatattggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg caagtaatag taatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 930

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 930

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Ser Ile Ser Cys Thr Gly Thr Asn Ser Asp Ile Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ser Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 931

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 931

Asn Ser Asp Ile Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 932

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 932

Cys Ser Tyr Ala Ser Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 933

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 933

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

ccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa taccaactac 180

aagccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagttgaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctccagttga cttctgtgac cgccgcggac acggccgtat actactgtgc gagagctctt 300

tatgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga cgatggtcac cgtctcttca 360

<210> 934

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 934

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Gln Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Lys Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Gln Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 935

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 935

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 936

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 936

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 937

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 937

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 938

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 938

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

tatccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg caactaatag caatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 939

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 939

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Tyr Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Thr Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 940

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 940

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 941

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 941

Cys Ser Tyr Ala Thr Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 942

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 942

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccattaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tccccaggga agggactgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa taccaagtat 180

aatccgtccc tcaagagtcg agtcaccatg tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaagctga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccagggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 943

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 943

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Lys Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Met Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 944

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 944

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 945

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 945

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 946

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 946

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 947

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 947

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatctccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag taatattggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg gaagtaatag taatgtggtt 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 948

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 948

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Ser Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asn Ile Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Gly Ser Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 949

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 949

Ser Ser Asn Ile Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 950

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 950

Cys Ser Tyr Gly Ser Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 951

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 951

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tcccccggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg actcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

atgaagctga gctctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 952

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 952

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Gln Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Met Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 953

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 953

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 954

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 954

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 955

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 955

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 956

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 956

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacacaggca aagcccccaa attcatgatt tatgatgtta gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctgatag caatgtggtt 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 957

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 957

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Thr Gly Lys Ala Pro Lys Phe

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asp

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 958

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 958

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 959

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 959

Cys Ser Tyr Ala Ala Asp Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 960

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 960

caaatgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggactgga gtggattggg gaaatctctc acggtgggaa caccaactac 180

aacccgtccc tcaaaagtcg agtcaccata actgtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaaactgc cctctatgac cgccgcggac acggccatat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtctt tgatatttgg ggcccaggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 961

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 961

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Ser His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Lys Leu Pro Ser Met Thr Ala Ala Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Pro

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 962

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 962

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 963

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 963

Ile Ser His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 964

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 964

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 965

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 965

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatg 60

tcctgcactg gaaccaacag tgatgttggt ggttacaact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggactt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aatacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatttg cagctaatag caatgtggtt 300

ttcggcgggg ggaccaagtt gtccgtccta 330

<210> 966

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 966

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Met Ser Cys Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Leu Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Phe Ala Ala Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 967

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 967

Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 968

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 968

Cys Ser Phe Ala Ala Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 969

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 969

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 970

<211

> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 970

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 971

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 971

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Leu

1 5 10

<210> 972

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 972

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacaa 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag cagtgttgta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 973

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 973

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
35 40 45
Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
50 55 60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65 70 75 80
Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn
85 90 95

Ser Ser Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu
100 105 110

<210> 974
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 974
Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr
1 5

<210> 975
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 975
Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Ser Val Val
1 5 10

<210> 976
<211> 360
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 976
caggtacagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgtgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120
cccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa caccaactac 180
aacccgtccc tccagagtcg agtcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaatctga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga ctttggtcac cgtctcttca 360

<210> 977

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 977

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Gln Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Asn Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 978

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 978

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 979

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 979

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 980

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 980

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 981

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 981

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gaccaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacaa 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag caatgtgcta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 982

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 982

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Thr Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn

85 90 95

Ser Asn Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 983

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 983

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 984

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 984

Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Asn Val Leu

1 5 10

<210> 985

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 985

caggtgcaac tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccaca ttagtagaca agtccaaaaa ccaattctcc 240

ctgaaattga gttctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg agccaaggga cgatggtcac cgtctcttca 360

<210> 986

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 986

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Thr Leu Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Ser Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 987

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 987

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp
1 5

<210> 988

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 988

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 989

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 989

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 990

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 990

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccatcag tgatgttggt ggttataact atgtctcttg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcagggatt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

cagactgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag caatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 991

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 991

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ile Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Ile Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Thr Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 992

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 992

Ile Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 993

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 993

Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 994

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 994

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtggaaa caccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcattagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaacctga cctctgtgac cgccgcggac acggccgtat attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga ctatggtcat cgtctcttca 360

<210> 995

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 995

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Leu Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Asn Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Ile Val Ser Ser
115 120

<210> 996

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 996

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp
1 5

<210> 997

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 997

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 998

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 998

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 999

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 999

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaagcagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctagtcgat tttctggctc caagtctggc agcacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg caattaatag cgatgtggtt 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 1000

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1000

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Ser Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Ser Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ile Asn

85 90 95

Ser Asp Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 1001

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1001

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 1002

<400> 1002

000

<210> 1003

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1003

Cys Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Asp Val Val

1 5 10

<210> 1004

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1004

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tcccccggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa gaccaactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg actcaccata tcagtagaca agtccaagaa ccagttctcc 240

atgaagctga gctctgtgac cgccgcggac acggccgtat atcactgtgc gagaactctt 300

tatgatatcg ggggagtttt tgatatttgg ggccaaggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 1005

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1005

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Lys Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Met Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr His Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1006

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1006

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp
1 5

<210> 1007

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1007

Ile Tyr His Gly Gly Lys Thr

1 5

<210> 1008

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1008

Ala Arg Thr Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 1009

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1009

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacac 120

cacacaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtta gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctgatag caatgtggtt 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 1010

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1010

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln His His Thr Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asp

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 1011

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1011

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 1012

<400> 1012

000

<210> 1013

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1013

Cys Ser Tyr Ala Ala Asp Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 1014

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1014

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga caggtgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

cccccaggga agggtctgga gtggattggg gaaatctatc atggtggaaa taccaactac 180

aagccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagttgaca tgtccaagaa ccagttctcc 240

ctgcagttga cttctgtgac cgccgcggac acggccgtat actactgtgc gagagctctt 300

tatgatatcg ggggagtctt tgatatttgg ggccaaggga cgatggtcac cgtctcttca 360

<210> 1015

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1015

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Gln Val Lys Pro Ser Gly

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ile Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Lys Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Met Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Gln Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1016

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1016

Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser Asn Trp

1 5

<210> 1017

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1017

Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1018

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1018

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 1019

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1019

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tcggggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

tatccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgatgtca gtgagcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240

caggctgagg acgagggtga ttattactgc tgctcatatg cagctaatag caatgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gtccgtccta 330

<210> 1020

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1020

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Tyr Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Gly Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Ala Asn

85 90 95

Ser Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 1021

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1021

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 1022

<400> 1022

000

<210> 1023

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1023

Cys Ser Tyr Ala Ala Asn Ser Asn Val Val

1 5 10

<210> 1024

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1024

caggtccagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctgggtcctc ggtgaaggtc 60

tcctgtaagg cttctggagg caccttcagc ggttatacta tcagctggat tcgacaggcc 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggaggg atcatcccta gctttggctc attaaactat 180

ggacagaagt tccaggacag agtctcgatt accacggacg aattaaagag cactgtgtac 240

atggagctga gcagcctgaa ttctgaggac acggccatat attattgtac gagagaatca 300

ataacttcgg gctactatta cggtatggcc gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1025

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1025

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Gly Tyr
20 25 30

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

Gly Gly Ile Ile Pro Ser Phe Gly Ser Leu Asn Tyr Gly Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Asp Arg Val Ser Ile Thr Thr Asp Glu Leu Lys Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Thr Arg Glu Ser Ile Thr Ser Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Ala Val Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1026

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1026

Gly Gly Thr Phe Ser Gly Tyr Thr

1 5

<210> 1027

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1027

Ile Ile Pro Ser Phe Gly Ser Leu

1 5

<210> 1028

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1028

Thr Arg Glu Ser Ile Thr Ser Gly Tyr Tyr Tyr Gly Met Ala Val

1 5 10 15

<210> 1029

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1029

gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga gatgatttag gctggtttca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagcgcct gatctctgct gcatccagtt tgcaaagtgg agtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttatta ctgtctacag cataatagtt acccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcag a 321

<210> 1030

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1030

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asp Asp

20 25 30

Leu Gly Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile

35 40 45

Ser Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Arg

100 105

<210> 1031

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1031

Gln Gly Ile Arg Asp Asp

1 5

<210> 1032

<400> 1032

000

<210> 1033

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1033

Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1034

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1034

gaggtgcagc tggtggagtc tggaggaggc ttgatccagc ctgggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctgggtt catcgtcagt cgcaattata tgagttgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggactg ggtctcagtt atttatagcg gtggcagcac atactacgca 180

gactccgtga agggccgatt taccatctcc agagacaatt ccaagaacac gctgtatctt 240

caaatgaaca gcctgagagc cgaggacacg gccgtctatt actgtgcgag gtctatagca 300

gtggctggtg aggggcttga ctcctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1035

<211> 119

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1035

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ile Val Ser Arg Asn

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Asp Trp Val

35 40 45

Ser Val Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Arg Ser Ile Ala Val Ala Gly Glu Gly Leu Asp Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1036

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1036

Gly Phe Ile Val Ser Arg Asn Tyr

1 5

<210> 1037

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1037

Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 1038

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1038

Ala Arg Ser Ile Ala Val Ala Gly Glu Gly Leu Asp Ser

1 5 10

<210> 1039

<211> 324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1039

gaaattgtaa tgacacagtc tccagccacc ctgtctttgt ctccagggga cagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc aacatcttca tatcctggta ccagcagaaa 120

cctgggcagg ctcccaggct cctcatttat ggtgcatcca tcagggccac tgacatccca 180

gccaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagcctgcag 240

cctgaagatt ttgcaattta tttctgtcag caggattata acttaccgct cactttcggc 300

ggagggacca aggtggagat caaa 324

<210> 1040

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1040

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Asp Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Ile

20 25 30

Phe Ile Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ile Arg Ala Thr Asp Ile Pro Ala Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Ile Tyr Phe Cys Gln Gln Asp Tyr Asn Leu Pro

85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 1041

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1041

Gln Ser Val Ser Asn Ile Phe

1 5

<210> 1042

<400> 1042

000

<210> 1043

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1043

Gln Gln Asp Tyr Asn Leu Pro Leu Thr

1 5

<210> 1044

<211> 378

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1044

ggagtccaac tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttgat gattatgcct tacactgggt ccggcaagtt 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaagc attagttgga atagtgatga cctaggctat 180

gcggactctg tggagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga gcagtctgag aactgaggac acggccttgt attactgtgt aaaggatact 300

agggcgcatt acgatatttt ggctggttat agagggcttg actcttgggg ccagggaacc 360

ctggtcaccg tctcttca 378

<210> 1045

<211> 126

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1045

Gly Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Leu His Trp Val Arg Gln Val Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Trp Asn Ser Asp Asp Leu Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Glu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Lys Asp Thr Arg Ala His Tyr Asp Ile Leu Ala Gly Tyr Arg Gly

100 105 110

Leu Asp Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1046

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1046

Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr Ala

1 5

<210> 1047

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1047

Ile Ser Trp Asn Ser Asp Asp Leu

1 5

<210> 1048

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1048

Val Lys Asp Thr Arg Ala His Tyr Asp Ile Leu Ala Gly Tyr Arg Gly

1 5 10 15

Leu Asp Ser

<210> 1049

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1049

gatattgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccctggaga gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctactca gagcctccta catagtaatg gatacaactt tttggattgg 120

tacctgcaga agccagggca gtctccacaa ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180

tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagatttttc actgaaaatc 240

agcagagtgg aggctgagga tattggaatt tattactgca tacaaggtct gcaaactcct 300

atcaccttcg gccaagggac acgactggag attaaa 336

<210> 1050

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1050

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

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Thr Gln Ser Leu Leu His Ser
20 25 30

Asn Gly Tyr Asn Phe Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

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

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

Leu Gln Thr Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1051

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1051

Gln Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Tyr Asn Phe
1 5 10

<210> 1052

<400> 1052

000

<210> 1053

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1053

Ile Gln Gly Leu Gln Thr Pro Ile Thr

1 5

<210> 1054

<211> 378

<212> DNA

<213

> Homo sapiens

<400> 1054

gaagtggagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgctg cctctggctt catctttgat gattatgcct tacactgggt ccggcaaatt 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaagt attagttgga atagtgatga cgtaggctat 180

gcggactctg tggagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga gcagtctgag agctgaggac acggccttat attactgtgt aaaggatgtt 300

agggctcatt acgatatttt ggctgcttat agaggacttg actattgggg ccagggaacc 360

ctggtcaccg tctcctca 378

<210> 1055

<211> 126

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1055

Glu Val Glu Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ile Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Leu His Trp Val Arg Gln Ile Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Trp Asn Ser Asp Asp Val Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Glu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Lys Asp Val Arg Ala His Tyr Asp Ile Leu Ala Ala Tyr Arg Gly

100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1056

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1056

Gly Phe Ile Phe Asp Asp Tyr Ala

1 5

<210> 1057

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1057

Ile Ser Trp Asn Ser Asp Asp Val

1 5

<210> 1058

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1058

Val Lys Asp Val Arg Ala His Tyr Asp Ile Leu Ala Ala Tyr Arg Gly

1 5 10 15

Leu Asp Tyr

<210> 1059

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1059

gatgttgtga tgactcagtc tccgctctcc ctgcccgtca cccctggaga gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca gagcctcctg catagcaatg gatacaacta tttggattgg 120

tacctgcaga agccagggca gtctccacaa ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180

tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagattttac actgaagatc 240

agtagaatgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaaggtct acaaactcct 300

atcaccttcg gccaagggac acgactggag attaag 336

<210> 1060

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1060

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

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Met Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Leu Gln Thr Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1061

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1061

Gln Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Tyr Asn Tyr
1 5 10

<210> 1062

<400> 1062

000

<210> 1063

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1063

Met Gln Gly Leu Gln Thr Pro Ile Thr
1 5

<210> 1064

<211> 378

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1064

gaagtgcaac tggtggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggcaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggctt catctttgat gattatgcct tacactgggt ccggcaagtt 120

ccagggaagg gcctggagtg ggtctcaagt attagttgga atagtgatga cataggctat 180

gcggactctg tggagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcaaatga gtagtctgag agctgaggac acggccttat attactgtgt aaaggatgtt 300

agggcgcatt acgatatttt ggctgcttat agaggacttg actattgggg ccagggaacc 360

ctggtcaccg tctcctca 378

<210> 1065

<211> 126

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1065

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ile Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

Ala Leu His Trp Val Arg Gln Val Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Trp Asn Ser Asp Asp Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Glu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Lys Asp Val Arg Ala His Tyr Asp Ile Leu Ala Ala Tyr Arg Gly

100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1066

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1066

Gly Phe Ile Phe Asp Asp Tyr Ala

1 5

<210> 1067

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1067

Ile Ser Trp Asn Ser Asp Asp Ile

1 5

<210> 1068

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1068

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

Leu Asp Tyr

<210> 1069

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1069

gatattgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccctggaga gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca gagcctcctg catagcaatg gatacaacta tttggattgg 120

tacctgcaga agccagggca gtctccacaa ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180

tccggggtcc ctgacaggtt cagtgtcagt ggatcaggca cagattttac actgaaaatc 240

agcagagtgg cggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaaggtct acaaactcct 300

atcaccttcg gccaagggac acgactggag attaca 336

<210> 1070

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1070

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

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

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

Ser Arg Val Ala Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Gly

85 90 95

Leu Gln Thr Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Thr

100 105 110

<210> 1071

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1071

Gln Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Tyr Asn Tyr

1 5 10

<210> 1072

<400> 1072

000

<210> 1073

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1073

Met Gln Gly Leu Gln Thr Pro Ile Thr

1 5

<210> 1074

<211> 378

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1074

caggtccaac tggtacagtc tggggctgaa gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg tttccgggtt caccctcact cacttatcca ttcactgggt gcgacaggct 120

cctggaagag gacttgagtg gatgggaggt tttgatcctg tggatggtca aacagtctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accgaggaca catctacaga cacagccaac 240

atggacctga acaacctgaa atctgaggac acggccgttt attactgtgc gacgggtgta 300

gtagtaccag ctgcccctta ctactactcc tccggaatgg acgtctgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1075

<211> 126

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1075

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Phe Thr Leu Thr His Leu
20 25 30

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

Gly Gly Phe Asp Pro Val Asp Gly Gln Thr Val Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Glu Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Asn
65 70 75 80

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

Ala Thr Gly Val Val Val Pro Ala Ala Pro Tyr Tyr Tyr Ser Ser Gly
100 105 110

Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 1076

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1076

Gly Phe Thr Leu Thr His Leu Ser
1 5

<210> 1077

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1077

Phe Asp Pro Val Asp Gly Gln Thr

1 5

<210> 1078

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1078

Ala Thr Gly Val Val Val Pro Ala Ala Pro Tyr Tyr Tyr Ser Ser Gly

1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1079

<211> 327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1079

cagtctgtgc tgactcagcc accctcaacg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60

tcttgctctg gaagcagctc caacatcgca aaaaattatg tatactggta ccaacaactc 120

ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat aggactaatc agcggccctc tggggtccct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccgg 240

tccgaggatg aggctactta ttactgtgca acatgggatg acaccctgag tgtgatattc 300

ggcggaggga ccaacctgac cgtcctg 327

<210> 1080

<211> 109

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1080

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Thr Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Ala Lys Asn

20 25 30

Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Arg Thr Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg

65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Thr Leu

85 90 95

Ser Val Ile Phe Gly Gly Gly Thr Asn Leu Thr Val Leu

100 105

<210>

1081

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1081

Ser Ser Asn Ile Ala Lys Asn Tyr

1 5

<210> 1082

<400> 1082

000

<210> 1083

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1083

Ala Thr Trp Asp Asp Thr Leu Ser Val Ile

1 5 10

<210> 1084

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1084

caggagcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggatgtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccagtct 120

cccggcaagg ggctggaatg ggtgactttt atatcatatg atggaaataa tgaatactat 180

gtagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240

ctgcaaatga acagcctgag agctgaggac gcggctgtgt attactgtgc gaaagatcgt 300

gcattgaacc tttactactt tgattcctgg ggcccgggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1085

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1085

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

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

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

Thr Phe Ile Ser Tyr Asp Gly Asn Asn Glu Tyr Tyr Val Asp Ser Val
50 55 60

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

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

Ala Lys Asp Arg Ala Leu Asn Leu Tyr Tyr Phe Asp Ser Trp Gly Pro
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1086

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1086

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Gly
1 5

<210> 1087

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1087

Ile Ser Tyr Asp Gly Asn Asn Glu

1 5

<210> 1088

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1088

Ala Lys Asp Arg Ala Leu Asn Leu Tyr Tyr Phe Asp Ser

1 5 10

<210> 1089

<211> 336

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1089

gatattgtga tgactcagcc tccactctcc ctgcccgtca ctcctggaga gccggcctcc 60

atctcctgca ggtctagtca gagcctcctg cataataatg cctacaacca tttgaattgg 120

tatctgcaga agccagggca gtctccacag ttcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180

tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagattttac actgaaaatc 240

agcagagtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaatctct acaaattccg 300

atcaccttcg gccaagggac acgactggaa attaaa 336

<210> 1090

<211> 112

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1090

Asp Ile Val Met Thr Gln Pro Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Asn

20 25 30

Asn Ala Tyr Asn His Leu Asn Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Phe Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Ser

85 90 95

Leu Gln Ile Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1091

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1091

Gln Ser Leu Leu His Asn Asn Ala Tyr Asn His

1 5 10

<210> 1092

<400> 1092

000

<210> 1093

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1093

Met Gln Ser Leu Gln Ile Pro Ile Thr

1 5

<210> 1094

<211> 357

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1094

gaggtgcaat tggtggagtc tgggggaggc ttggttcagc cgggggggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc agttttgcca tgagttgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg gacttgagtg ggtcgcagcc ttcagtggtc gtggtgcgat tacacactac 180
acagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggccgtat attactgtgc gacttataat 300
tggaacccct actactttga cttctggggc cagggaaccc tggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1095
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1095

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
20 25 30
Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Phe Ser Gly Arg Gly Ala Ile Thr His Tyr Thr Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Thr Tyr Asn Trp Asn Pro Tyr Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1096
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1096

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Ala

1 5

<210> 1097

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1097

Phe Ser Gly Arg Gly Ala Ile Thr

1 5

<210> 1098

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1098

Ala Thr Tyr Asn Trp Asn Pro Tyr Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 1099

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1099

gacatccaga tgacccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60

atcacctgtc gggcgagtca ggatattaat atctggttgg cctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaatctcct gatctttgat acatccaatt tacagagtgg ggtcccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc tgggtcagat ttcactctca ccatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg caacttacta ttgtcaacag ggtaacagtt tccctcggac cttcggccag 300

gggacacgac tggaaattaa a 321

<210> 1100

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1100

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Asn Ile Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile

35 40 45

Phe Asp Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Ser Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Ser Phe Pro Arg

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1101

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1101

Gln Asp Ile Asn Ile Trp

1 5

<210> 1102

<400> 1102

000

<210> 1103

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1103

Gln Gln Gly Asn Ser Phe Pro Arg Thr

1 5

<210> 1104

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1104

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1105

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1105

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

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

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80

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

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu
115

<210> 1106

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400>

1106

Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr

1 5

<210> 1107

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1107

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1108

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1108

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1109

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1109

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1110

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1110

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1111

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1111

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1112

<400> 1112

000

<210> 1113

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1113

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1114

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1114

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcaatggg 300

gacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1115

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1115

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

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

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80

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

Ala Ile Asn Gly Asp Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu
115

<210> 1116

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1116

Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr

1 5

<210> 1117

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1117

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1118

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1118

Ala Ile Asn Gly Asp Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1119

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1119

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1120

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1120

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg
85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1121

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1121

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1122

<400> 1122

000

<210> 1123

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1123

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1124

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1124

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc aacttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaaa aacttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1125

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Asn Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Lys Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Val Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 1126

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1126

Gly Tyr Ala Leu Thr Asn Phe Tyr

1 5

<210> 1127

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1127

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1128

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1128

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1129

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1129

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataatttta tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta tttctgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1130

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1130

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Ile Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg
85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1131

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1131

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1132

<400> 1132

000

<210> 1133

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1133

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1134

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1134

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctgtggcctc agtgaaggtt 60

tcctgtcggg catctggtta cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1135

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1135

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Val Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Val Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 1136

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1136

Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr

1 5

<210> 1137

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1137

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1138

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1138

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1139

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1139

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1140

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1140

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg
85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1141

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1141

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1142

<400> 1142

000

<210> 1143

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1143

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1144

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1144

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgtaggg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1145

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1145

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Val Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 1146

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1146

Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr

1 5

<210> 1147

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1147

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1148

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1148

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1149

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1149

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgttctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tctcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgttgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1150

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1150

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Val Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1151

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1151

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1152

<400> 1152

000

<210> 1153

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1153

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Val Val Leu

1 5 10

<210> 1154

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1154

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaagg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gctcagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga acagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccag gggacaatgg tcaccgtctc ttca 354

<210> 1155

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1155

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80

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

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1156
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1156
Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr
1 5

<210> 1157
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1157
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1158
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1158
Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1159
<211> 330
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1159

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaatag tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tggacatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gcagccggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1160

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1160

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Ile Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Asp Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1161

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1161

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1162

<400> 1162

000

<210> 1163

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1163

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1164

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1164

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc cgggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gctcagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactaa acagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1165

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1165

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80
Val Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu
115

<210> 1166
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1166
Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr
1 5

<210> 1167
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1167
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1168
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1168
Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1169

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1169

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatag tccccaagct cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gcagccggag tgctgtactt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1170

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1170

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Ile Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1171

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1171

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1172

<400> 1172

000

<210> 1173

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1173

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1174

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1174

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggcccttt attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1175

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1175

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80
Val Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Met Val Thr Val Ser Leu
115

<210> 1176
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1176
Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr
1 5

<210> 1177
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1177
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr
1 5

<210> 1178
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 1178

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1179

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1179

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1180

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1180

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1181

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1181

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1182

<400> 1182

000

<210> 1183

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1183

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1184

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1184

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgactg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtta tacaatttac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1185

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1185

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe

20 25 30

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Asp Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Tyr Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Val Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 1186

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1186

Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr

1 5

<210> 1187

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1187

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Tyr Thr

1 5

<210> 1188

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1188

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1189

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1189

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1190

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1190

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1191

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1191

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1192

<400> 1192

000

<210> 1193

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1193

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1194

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1194

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc aacttctata ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgga cacattctac 240

gtggaactga acagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1195

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1195

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Asn Phe

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asp Thr Phe Tyr

65 70 75 80

Val Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 1196

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1196

Gly Tyr Ala Leu Thr Asn Phe Tyr

1 5

<210> 1197

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1197

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1198

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1198

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1199

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1199

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1200

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1200

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1201

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1201

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1202

<400> 1202

000

<210> 1203

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1203

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1204

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1204

caggtgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc agcttctatg ttcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctac 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga gcagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1205

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1205

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Gln Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe
20 25 30
Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Leu

50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80
Val Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Met Val Thr Val Ser Leu
115

<210> 1206

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1206

Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Phe Tyr
1 5

<210> 1207

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1207

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1208

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1208

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1209

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1209

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgctgtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1210

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1210

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1211

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1211

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1212

<400> 1212

000

<210> 1213

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1213

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1214

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1214

caggtgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagcagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaggg catctggata cgccctcacc agactctatg ttcactgggt gcggcaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtga cacaatctgc 180

gctcagaatc tccagggcag agtcaccctg accagggaca cgtccacgaa cacattctac 240

gtggaactga acagcctgag atctgaggac acggccctat attactgtgc gatcagtggg 300

aacactaggg cttttgaaat ctggggccaa gggacaatgg tcaccgtctc ttta 354

<210> 1215

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1215

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

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

Tyr Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Cys Ala Gln Asn Leu
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Phe Tyr
65 70 75 80

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

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110

Met Val Thr Val Ser Leu
115

<210> 1216

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1216

Gly Tyr Ala Leu Thr Arg Leu Tyr
1 5

<210> 1217

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1217

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1218

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1218

Ala Ile Ser Gly Asn Thr Arg Ala Phe Glu Ile

1 5 10

<210> 1219

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1219

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaatgg tccccaaact cctcatttat gccaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acttgggata gtagtcggag tgcggtgctt 300

ttcggcggag ggaccaagat gaccgtccta 330

<210> 1220

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1220

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Met Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Ala Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg

85 90 95

Ser Ala Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Met Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1221

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1221

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1222

<400> 1222

000

<210> 1223

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1223

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Arg Ser Ala Val Leu

1 5 10

<210> 1224

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1224

cagatgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ccagtctgag atctgaagac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1225

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1225

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1226

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1226

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1227

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1227

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1228

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1228

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1229

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1229

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tctcctggta ccagcagctc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgcccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1230

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1230

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1231

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1231

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1232

<400> 1232

000

<210> 1233

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1233

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1234

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1234

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 1235

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1235

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Ile Thr Val Ser Ser

115

<210> 1236

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1236

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1237

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1237

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1238

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1238

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1239

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1239

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1240

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1240

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1241

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1241

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1242

<400> 1242

000

<210> 1243

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1243

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1244

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1244

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaactt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatcttc 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1245

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1245

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Phe Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1246

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1246

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1247

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1247

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1248

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1248

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1249

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1249

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaggt gaccgtccta 330

<210> 1250

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1250

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1251

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1251

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 1252

<400> 1252

000

<210> 1253

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1253

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10

<210> 1254

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1254

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1255

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1255

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1256

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1256

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1257

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1257

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1258

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1258

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1259

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1259

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1260

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1260

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1261

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1261

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1262

<400> 1262

000

<210> 1263

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1263

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1264

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1264

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaggaagc ctggggcctc agtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata cattttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggaggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccactaa cacagtctac 240

atggacctga ataatctgag atctgaggac acggccgtgt atttttgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1265

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1265

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Arg Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Asn Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1266

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1266

Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1267

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1267

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1268

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1268

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1269

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1269

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcaatg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccggcagttc 120

cccggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcggg acatgggata gcagcctgag tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1270

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1270

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Arg Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Ser Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1271

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1271

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1272

<400> 1272

000

<210> 1273

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1273

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1274

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1274

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aacttctata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgac atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaattggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1275

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1275

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1276

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1276

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe Tyr

1 5

<210> 1277

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1277

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1278

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1278

Ala Arg Ile Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1279

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1279

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa agtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttt 120

tcaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaattcta agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1280

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1280

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Ser Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1281

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1281

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1282

<400> 1282

000

<210> 1283

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1283

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1284

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1284

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgaa atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gattgggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1285

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1285

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Trp Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1286

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1286

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
1 5

<210> 1287

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1287

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1288

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1288

Ala Arg Thr Gly Asp Trp Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1289

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1289

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1290

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1290

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1291

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1291

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 1292

<400> 1292

000

<210> 1293

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1293

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1294

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1294

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc tgtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata attaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggactctgag atctgaggac acggccgttt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1295

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1295

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1296

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1296

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1297

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1297

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1298

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1298

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1299

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1299

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1300

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1300

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1301

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1301

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1302

<400> 1302

000

<210> 1303

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1303

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1304

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1304

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaaatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcatc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa tacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1305

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1305

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80
Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1306
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1306
Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1307
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1307
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5
<210> 1308
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1308
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10
<210> 1309
<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1309

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatcata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactcctg 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1310

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1310

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Leu

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1311

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1311

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1312

<400> 1312

000

<210> 1313

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1313

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1314

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1314

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata cacctttacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gaggtggtga cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1315

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1315

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Arg Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1316

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1316

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1317

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1317

Ile Lys Pro Arg Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1318

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1318

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1319

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1319

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta cgagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1320

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1320

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Glu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1321

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1321

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1322

<400> 1322

000

<210> 1323

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1323

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1324

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1324

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcatc atcaaaccta gtggtggtaa caccatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtctccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgac atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1325

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1325

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Ser Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Asp Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1326
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1326
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1327
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1327
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1328
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1328

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1329

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1329

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttt 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1330

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1330

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1331

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1331

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1332

<400> 1332

000

<210> 1333

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1333

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1334

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1334

cagatacagt tggtgcagtc tgggcctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1335

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1335

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

35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1336
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1336
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1337
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1337
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1338
<211> 10
<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1338

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1339

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1339

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagaagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1340

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1340

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Lys Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1341

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1341

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1342

<400> 1342

000

<210> 1343

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1343

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1344

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1344

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactaca tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacactcttc 180

gaacagaagt ttcagggtag agtcatcatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1345

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1345

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

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Leu Phe Glu Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Ile Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1346

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1346

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
1 5

<210> 1347

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1347

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1348

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1348

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1349

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1349

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1350

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1350

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1351

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1351

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1352

<400> 1352

000

<210> 1353

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1353

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1354

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1354

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccgtg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtcttac atctgaagac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccatggg acactggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1355

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1355

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Val Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1356

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1356

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1357

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1357

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1358

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1358

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1359

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1359

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagaagttc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1360

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1360

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Arg Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1361

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1361

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1362

<400> 1362

000

<210> 1363

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1363

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1364

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1364

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagatctggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 1365

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1365

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ser Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Ile Thr Val Ser Ser

115

<210> 1366

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1366

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1367

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1367

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1368

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1368

Ala Arg Ser Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1369

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1369

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tgtcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgcttct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1370

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1370

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1371

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1371

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1372

<400> 1372

000

<210> 1373

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1373

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1374

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1374

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacacaagt ttcagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc cagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1375

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1375

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala His Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1376

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1376

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1377

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1377

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1378

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1378

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1379

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1379

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1380

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1380

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1381

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1381

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1382

<400> 1382

000

<210> 1383

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1383

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1384

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1384

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccaggacag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccatggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1385

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1385

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1386

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1386

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1387

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1387

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1388

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1388

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1389

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1389

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1390

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1390

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1391
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1391
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1392
<400> 1392
000
<210> 1393
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1393
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10
<210> 1394
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1394

cagatgcaat tgctgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatagtca ccgtctcttc a 351

<210> 1395

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1395

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Ile
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1396

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1396

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1397

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1397

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1398

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1398

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1399

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1399

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacagctc caacattggg aataattatg tttcctggta tcagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttattgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1400

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1400

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1401

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1401

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1402

<400> 1402

000

<210> 1403

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1403

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1404

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1404

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1405

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1405

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1406

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1406

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1407

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1407

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1408

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1408

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1409

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1409

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagta tctgcgaccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1410

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1410

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1411

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1411

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1412

<400> 1412

000

<210> 1413

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1413

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10

<210> 1414

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1414

cagatgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gtagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1415

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1415

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1416

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1416

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1417

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1417

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1418

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1418

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1419

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1419

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagtacctc caacattggg agtaattatg tctcctggta ccagcagctc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatagta agcgcccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1420

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1420

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Thr Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1421

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1421

Thr Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr
1 5

<210> 1422

<400> 1422

000

<210> 1423

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1423

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1424

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1424

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1425

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1425

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1426

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1426

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1427

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1427

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1428

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1428

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1429

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1429

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagtttggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1430

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1430

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1431

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1431

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1432

<400> 1432

000

<210> 1433

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1433

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1434

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1434

cagattcagt tagtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1435

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1435

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1436

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1436

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1437

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1437

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1438

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1438

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1439

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1439

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cttcatttat gacaataata agcgaccctc agggatttct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1440

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1440

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Phe

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Ser Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1441

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1441

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1442

<400> 1442

000

<210> 1443

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1443

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1444

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1444

cagatacagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc accaactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagcaat tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ccagtctgac atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcgtc a 351

<210> 1445

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1445

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Thr Asn

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Gln Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Thr Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1446
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1446
Gly Tyr Thr Phe Thr Thr Asn Tyr
1 5

<210> 1447
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1447
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr
1 5

<210> 1448
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1448
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1449
<211> 330
<212> DNA

<213> Homo sapiens
<400> 1449
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagctc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacgatggaa agcgaccctc agggattcct 180

gatcgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagcctccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata ccagcctggg ttctggggtg 300

ttcggcggcg ggaccaagtt gaccgtccta 330

<210> 1450

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1450

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asp Gly Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Thr Ser Leu
85 90 95

Gly Ser Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1451

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1451

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 1452

<400> 1452

000

<210> 1453

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1453

Gly Thr Trp Asp Thr Ser Leu Gly Ser Gly Val

1 5 10

<210> 1454

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1454

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga ggagtctgag atctgaagac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1455

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1455

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1456

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1456

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1457

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1457

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1458

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1458

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1459

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1459

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1460

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1460

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1461

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1461

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1462

<400> 1462

000

<210> 1463

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1463

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1464

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1464

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccaggacag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1465

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1465

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1466
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1466
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1467
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1467
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1468
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400
> 1468
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1469
<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1469

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gtcaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1470

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1470

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Val Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1471

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1471

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1472

<400> 1472

000

<210> 1473

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1473

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1474

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1474

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaggaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcatc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtta tacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgta cacagtctat 240

atggccctga gcggtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1475

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1475

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Arg Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Tyr Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Tyr Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Ala Leu Ser Gly Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1476

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1476

Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1477

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1477

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Tyr Thr

1 5

<210> 1478

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1478

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1479

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1479

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatcata agcgaccctc aggtattcct 180

gaccgattct ctgcctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactcctg 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1480

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1480

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Leu

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1481

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1481

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1482

<400> 1482

000

<210> 1483

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1483

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1484

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1484

cagattcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc cgtgaagatt 60

tcgtgcaagc catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1485

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1485

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Pro Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80
Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1486
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1486
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1487
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1487
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1488
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1488

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1489

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1489

cagtctgtgt tgacgcagac gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag tccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgaata ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1490

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1490

Gln Ser Val Leu Thr Gln Thr Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1491

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1491

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1492

<400> 1492

000

<210> 1493

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1493

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1494

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1494

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcatt atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgttt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 1495

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1495

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Ile Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1496

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1496

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1497

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1497

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1498

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1498

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1499

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1499

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1500

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1500

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1501

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1501

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1502

<400> 1502

000

<210> 1503

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1503

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1504

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1504

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctctgc a 351

<210> 1505

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1505

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ala
115

<210> 1506

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1506

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1507

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1507

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1508

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1508

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1509

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1509

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1510

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1510

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1511

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1511

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1512

<400> 1512

000

<210> 1513

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1513

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1514

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1514

cagatgcaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata ccccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccaccaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt atttttgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatagtca ccgtctcttc a 351

<210> 1515

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1515

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Pro Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Ile
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1516

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1516

Gly Tyr Pro Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1517

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1517

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1518

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1518

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1519

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1519

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1520

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1520

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1521

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1521

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1522

<400> 1522

000

<210> 1523

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1523

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1524

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1524

cagatgcaat tggtgcagtc tgggactgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccatgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1525

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1525

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1526

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1526

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1527

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1527

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1528

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1528

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1529

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1529

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tttgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1530

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1530

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Phe Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1531
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1531
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5
<210> 1532
<400> 1532
000
<210> 1533
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1533
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10
<210> 1534
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1534
cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60
tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta ctggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg tccagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac gcggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1535

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1535

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Thr Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Ser Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ala Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1536

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1536

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1537

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1537

Ile Lys Pro Thr Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1538

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1538

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1539

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1539

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcgaccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1540

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1540

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1541

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1541

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1542

<400> 1542

000

<210> 1543

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1543

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1544

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1544

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactatt tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta ctggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

ggtagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1545

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1545

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Leu Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Thr Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Gly Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1546

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1546

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1547

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1547

Ile Lys Pro Thr Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1548

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1548

Ala Arg Thr Gly Gly Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1549

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1549

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaacagctc caatattggg gataattttg tgtcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaggct gaccgtccta 330

<210> 1550

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1550

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Ser Ser Asn Ile Gly Asp Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1551

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1551

Ser Ser Asn Ile Gly Asp Asn Phe

1 5

<210> 1552

<400> 1552

000

<210> 1553

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1553

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1554

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1554

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcttgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgga cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1555

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1555

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asp Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1556

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1556

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1557

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1557

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1558

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1558

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1559

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1559

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattctt 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttattgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1560

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1560

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Leu Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1561

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1561

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1562

<400> 1562

000

<210> 1563

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1563

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1564

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1564

cagctgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cttggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtta cacgagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gtagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggcat ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1565

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1565

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Leu Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Tyr Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1566

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1566

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1567

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1567

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Tyr Thr

1 5

<210> 1568

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1568

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1569

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1569

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccctc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1570

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1570

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

Lys Val Thr Leu Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1571

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1571

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 1572

<400> 1572

000

<210> 1573

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1573

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1574

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1574

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata catattcacc aactattata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gcggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atatgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1575

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1575

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Tyr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1576

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1576

Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1577

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1577

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1578

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1578

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1579

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1579

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1580

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1580

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1581

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1581

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 1582

<400> 1582

000

<210> 1583

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1583

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1584

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1584

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcatc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1585

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1585

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1586

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1586

Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1587

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1587

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1588

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1588

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1589

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1589

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatcata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1590

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1590

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1591

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1591

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1592

<400> 1592

000

<210> 1593

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1593

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1594

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1594

cagattcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata tatcttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgac cacagtctat 240

ttggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1595

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1595

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Thr Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1596

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1596

Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1597

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1597

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1598

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1598

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1599

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1599

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcaattc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtcctg 330

<210> 1600

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1600

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1601

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1601

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1602

<400> 1602

000

<210> 1603

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1603

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1604

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1604

cagatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agttactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgaatg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaaat tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacagtcttc 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1605

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1605

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Phe

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Val

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1606

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1606

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1607

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1607

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1608

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1608

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1609

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1609

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta cctgcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcattttt gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatctc cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggacccaact gaccgtccta 330

<210> 1610

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1610

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Leu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Phe Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1611

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1611

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1612

<400> 1612

000

<210> 1613

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1613

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1614

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1614

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aattactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1615

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1615

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1616

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1616

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1617

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1617

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1618

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1618

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1619

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1619

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatc tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaggt gaccgtccta 330

<210> 1620

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1620

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1621

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1621

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1622

<400> 1622

000

<210> 1623

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1623

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1624

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1624

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctgggacctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1625

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1625

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1626

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1626

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1627

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1627

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1628

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1628

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1629

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1629

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccacgct gaccgtccta 330

<210> 1630

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1630

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1631

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1631

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1632

<400> 1632

000

<210> 1633

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1633

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1634

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1634

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgtaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacaaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1635

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1635

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1636

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1636

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1637

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1637

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1638

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1638

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1639

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1639

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtccccatc 60

tcctgccctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccaccagttc 120

ccagggacaa cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ccggctccaa gtctggcacg gcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1640

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1640

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

Lys Val Pro Ile Ser Cys Pro Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr His Gln Phe Pro Gly Thr Thr Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ala Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1641

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1641

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1642

<400> 1642

000

<210> 1643

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1643

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1644

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1644

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

ccgggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggcggtga cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1645

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1645

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

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1646

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1646

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1647

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1647

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr
1 5

<210> 1648

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1648

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1649

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1649

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1650

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1650

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1651

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1651

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1652

<400> 1652

000

<210> 1653

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1653

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1654

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1654

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc gactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcatg atcaaaccca gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag gtctgaggac acggccgtgt attattgcac aagaactggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1655

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1655

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Met Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1656

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1656

Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Tyr
1 5

<210> 1657

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1657

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1658

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1658

Thr Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1659

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1659

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgcg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcattttt gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1660

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1660

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Ala Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Phe Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1661

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1661

Ser Ser Asn Ile Ala Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1662

<400> 1662

000

<210> 1663

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1663

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1664

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1664

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggccaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccaggacag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1665

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1665

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1666

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1666

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1667

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1667

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1668

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1668

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1669

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1669

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gtcaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1670

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1670

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Val Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1671

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1671

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1672

<400> 1672

000

<210> 1673

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1673

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1674

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1674

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aagtactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc cagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1675

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1675

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Lys Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1676

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1676

Gly Tyr Thr Phe Thr Lys Tyr Tyr

1 5

<210> 1677

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1677

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1678

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1678

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1679

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1679

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcaactc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1680

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1680

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1681

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1681

Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1682

<400> 1682

000

<210> 1683

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1683

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1684

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1684

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctgggtcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1685

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1685

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1686

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1686

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1687

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1687

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1688

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1688

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1689

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1689

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcgaccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag ccccccaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccca gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1690

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1690

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Gln Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gln Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1691
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1691
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1692
<400> 1692
000
<210> 1693
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1693
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10
<210> 1694
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1694

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaattt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtcttc 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1695

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1695

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Phe
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1696

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1696

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1697

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1697

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1698

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1698

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1699

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1699

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagttc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1700

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1700

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1701

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1701

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1702

<400> 1702

000

<210> 1703

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1703

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1704

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1704

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1705

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1705

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1706

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1706

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1707

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1707

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1708

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1708

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1709

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1709

cagtctgtgt tgacgcagtc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1710

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1710

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1711

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1711

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1712

<400> 1712

000

<210> 1713

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1713

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10

<210> 1714

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1714

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc actgaggatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccttg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga acagtctgag atctgaggac acggccatgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggcct ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1715

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1715

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1716

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1716

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1717

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1717

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1718

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1718

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1719

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1719

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgagtct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1720

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1720

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Val Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1721

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1721

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 1722

<400> 1722

000

<210> 1723

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1723

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1724

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1724

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaattt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgac atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1725

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1725

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1726

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1726

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1727

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1727

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1728

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1728

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1729

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1729

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttt 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaattcta agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1730

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1730

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1731

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1731

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1732

<400> 1732

000

<210> 1733

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1733

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1734

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1734

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

acacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgacgac acggccgtct attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1735

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1735

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Thr Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1736

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1736

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1737

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1737

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1738

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1738

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1739

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1739

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tactggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1740

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1740

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Thr Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1741

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1741

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1742

<400> 1742

000

<210> 1743

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1743

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Thr Gly Val

1 5 10

<210> 1744

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1744

cagatacagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagcagt tccagggcag agccaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgttt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acactggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1745

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1745

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Gln Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1746
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1746
Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
1 5

<210> 1747
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1747
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1748
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1748
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1749
<211> 330
<212> DNA

<213> Homo sapiens
<400> 1749
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa gatcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggactcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcgcg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtcctg 330

<210> 1750

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1750

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

Lys Ile Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Thr Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Ala Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1751

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1751

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1752

<400> 1752

000

<210> 1753

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1753

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1754

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1754

cagatacagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaaggagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaatcta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggccg agtcaccatg accagggaca cgtccacgca cacagtctac 240

atggacctga acagtctgac atatgaagac acggccgtat attattgtgc gagaagtggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccatggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1755

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1755

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Glu Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Ser Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr His Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Thr Tyr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1756

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1756

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1757

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1757

Ile Lys Ser Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1758

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1758

Ala Arg Ser Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1759

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1759

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatacta agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1760

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1760

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1761

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1761

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1762

<400> 1762

000

<210> 1763

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1763

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1764

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1764

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggcggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg acccgggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggat acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1765

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1765

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1766
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1766
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1767
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1767
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1768
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400
> 1768
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1769
<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1769

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgta acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1770

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1770

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Val Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1771

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1771

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1772

<400> 1772

000

<210> 1773

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1773

Val Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1774

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1774

cagatgcaat tggtgcaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa taaagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc cagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccagggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1775

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1775

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Lys Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1776

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1776

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1777

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1777

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1778

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1778

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1779

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1779

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1780

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1780

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1781

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1781

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1782

<400> 1782

000

<210> 1783

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1783

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1784

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1784

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcatc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaattggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1785

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1785

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80
Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1786
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1786
Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1787
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1787
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1788
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1788

Ala Arg Ile Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1789

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1789

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataactttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaagct cctcatttat gacaatcata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1790

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1790

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1791

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1791

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1792

<400> 1792

000

<210> 1793

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1793

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1794

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1794

cagattcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtaatggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tatagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1795

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1795

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Asn Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Ile Val Tyr
65 70 75 80
Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210
> 1796

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1796

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1797

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1797

Ile Lys Pro Ser Asn Gly Asn Thr
1 5

<210> 1798

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1798

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1799

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1799

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag tccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgaata ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1800

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1800

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Val Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1801

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1801

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1802

<400> 1802

000

<210> 1803

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1803

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1804

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1804

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactaca tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa ctcagtctat 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1805

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1805

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

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Ser Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1806

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1806

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1807

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1807

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr
1 5

<210> 1808

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1808

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1809

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1809

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gacgcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cgggctccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1810

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1810

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Arg Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1811

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1811

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1812

<400> 1812

000

<210> 1813

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1813

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1814

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1814

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggatt caccttcgcc aactactatg tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacttga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1815

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1815

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Phe Thr Phe Ala Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1816

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1816

Gly Phe Thr Phe Ala Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1817

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1817

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1818

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1818

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1819

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1819

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1820

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1820

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1821

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1821

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1822

<400> 1822

000

<210> 1823

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1823

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1824

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1824

cagatacagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactaca tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgaatg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agccaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaagac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acactggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1825

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1825

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

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1826

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1826

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
1 5

<210> 1827

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1827

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1828

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1828

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1829

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1829

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagatc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggactcct 180

gcccgatcct ctggctccaa gtctggcgcg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

cctggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtcctg 330

<210> 1830

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1830

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Ser Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Ala Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Pro Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1831
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1831
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5
<210> 1832
<400> 1832
000
<210> 1833
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1833
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10
<210> 1834
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1834
cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaacttt 60
tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgcg atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1835

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1835

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Asn Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1836

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1836

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1837

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1837

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1838

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1838

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1839

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1839

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1840

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1840

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1841

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1841

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1842

<400> 1842

000

<210> 1843

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1843

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1844

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1844

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1845

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1845

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1846

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1846

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1847

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1847

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1848

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1848

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1849

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1849

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattatg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 1850

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1850

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1851

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1851

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1852

<400> 1852

000

<210> 1853

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1853

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1854

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1854

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

ttctgcaaga catctggata ccccttcagc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gctgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacagtctat 240

ttggacctga ccagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gcgaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1855

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1855

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Phe Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Pro Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Thr Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1856

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1856

Gly Tyr Pro Phe Ser Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1857

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1857

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1858

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1858

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1859

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1859

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagttc caacattggg agtaattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1860

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1860

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1861

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1861

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr

1 5

<210> 1862

<400> 1862

000

<210> 1863

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1863

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1864

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1864

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa caccatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1865

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1865

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

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1866

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1866

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1867

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1867

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1868

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1868

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1869

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1869

cagtctgtct tgactcagcc gccctcagtg tctgctgccc caggacagaa ggtcaacatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

tcaggaaccg cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1870

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1870

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

Lys Val Asn Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Ser Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1871

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1871

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1872

<400> 1872

000

<210> 1873

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1873

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1874

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1874

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata tatcttcacc aagtactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

ccgggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggcggtga cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactgga 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1875

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1875

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Lys Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1876

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1876

Gly Tyr Ile Phe Thr Lys Tyr Tyr

1 5

<210> 1877

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1877

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1878

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1878

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1879

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1879

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccgtc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct ggccgtcctt 330

<210> 1880

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1880

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

Lys Val Thr Val Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ala Val Leu
100 105 110

<210> 1881

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1881

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1882

<400> 1882

000

<210> 1883

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1883

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1884

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1884

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgca cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 1885

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1885

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr His Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Ile Thr Val Ser Ser

115

<210> 1886

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1886

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1887

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1887

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1888

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1888

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1889

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1889

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1890

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1890

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1891

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1891

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1892

<400> 1892

000

<210> 1893

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1893

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1894

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1894

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgcagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aacttctata tcgtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacaatctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1895

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1895

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Gln Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Tyr Ile Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Ile Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1896

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1896

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe Tyr

1 5

<210> 1897

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1897

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1898

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1898

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1899

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1899

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatcata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagtt gaccgtccta 330

<210> 1900

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1900

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1901

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1901

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1902

<400> 1902

000

<210> 1903

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1903

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1904

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1904

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcatcatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gaaaactggg 300

gatagggctt ttaatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1905

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1905

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Ile Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asn Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1906

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1906

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1907

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1907

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1908

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1908

Ala Lys Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asn Val

1 5 10

<210> 1909

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1909

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattcga aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tctgccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtcctt 330

<210> 1910

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1910

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Arg Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1911

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1911

Ser Ser Asn Ile Arg Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1912

<400> 1912

000

<210> 1913

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1913

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1914

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1914

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1915

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1915

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1916

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1916

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1917

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1917

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1918

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1918

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1919

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1919

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1920

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1920

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1921

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1921

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1922

<400> 1922

000

<210> 1923

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1923

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1924

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1924

cagctgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agttactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgaatg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacagtcttc 240

atggacctga ggagtctgag atctgaagac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acactggtca ccgtctctac a 351

<210> 1925

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1925

Gln Leu Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Phe

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Thr

115

<210> 1926

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1926

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1927

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1927

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1928

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1928

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1929

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1929

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta cctgcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggacccagct gaccgtccta 330

<210> 1930

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1930

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Leu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1931

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1931

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1932

<400> 1932

000

<210> 1933

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1933

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1934

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1934

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

ccgggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggcggtga cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga ccagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1935

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1935

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1936

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1936

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1937

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1937

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 1938

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1938

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 1939

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1939

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccag gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1940

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1940

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Arg Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1941

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1941

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1942

<400> 1942

000

<210> 1943

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1943

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1944

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1944

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt ttcagggcag agtcaccatg gccagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1945

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1945

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

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Ala Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1946

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1946

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1947

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1947

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 1948

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 1948

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1949

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1949

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggctc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagtcaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata tcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1950

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1950

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Val Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ile Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1951

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1951

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1952

<400> 1952

000

<210> 1953

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1953

Gly Thr Trp Asp Ile Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1954

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1954

cagatacagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaatt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactgct 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1955

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1955

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Ala Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1956

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1956

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 1957

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1957

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1958

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1958

Ala Arg Thr Ala Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1959

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1959

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccatgtt gaccgtccta 330

<210> 1960

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1960

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Met Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1961

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1961

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 1962

<400> 1962

000

<210> 1963

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1963

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1964

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1964

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 1965

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1965

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1966

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1966

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 1967

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1967

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1968

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1968

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1969

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1969

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1970

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1970

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1971

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1971

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1972

<400> 1972

000

<210> 1973

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1973

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1974

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1974

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cgcgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt actattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1975

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1975

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Ala Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1976

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1976

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1977

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1977

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Ala

1 5

<210> 1978

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1978

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1979

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1979

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1980

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1980

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 1981

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1981

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 1982

<400> 1982

000

<210> 1983

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1983

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 1984

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1984

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata cattttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggaggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccactaa cacagtctac 240

atggacctga ataatctgag atctgaggac acggccgtgt atttttgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg tcaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1985

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1985

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Ser Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1986

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1986

Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1987

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1987

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1988

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1988

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1989

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1989

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcaatg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccggcagttc 120

cccggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcggg acatgggata gcagcctgag tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 1990

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1990

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Met Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Phe Val Ser Trp Tyr Arg Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 1991
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1991
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 1992
<400> 1992
000
<210> 1993
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 1993
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Gly Val
1 5 10
<210> 1994
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1994

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata tattttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

tctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaggt tccagggcag agtcaccatg accagagaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

aatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 1995

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1995

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Arg Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1996

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1996

Gly Tyr Ile Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 1997

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1997

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 1998

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1998

Ala Arg Thr Gly Asn Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1999

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1999

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgcg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttt gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2000

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2000

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Ala Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Phe Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2001

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2001

Ser Ser Asn Ile Ala Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2002

<400> 2002

000

<210> 2003

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2003

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2004

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2004

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agttactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 2005

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2005

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2006

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2006

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 2007

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2007

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2008

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 2008

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2009

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2009

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttt 120

gcaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcgc cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2010

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2010

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Ala Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Ala Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2011

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2011

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 2012

<400> 2012

000

<210> 2013

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2013

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10

<210> 2014

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2014

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata cagcttcatc aattattata tggtctgggt gcgccaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctgc gcagtctgag atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 2015

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2015

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ser Phe Ile Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Ile Thr Val Ser Ser

115

<210> 2016

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2016

Gly Tyr Ser Phe Ile Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2017

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2017

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2018

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2018

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2019

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2019

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcaactc caacattggg aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagtt gaccgtccta 330

<210> 2020

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2020

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2021

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2021

Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 2022

<400> 2022

000

<210> 2023

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2023

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2024

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2024

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 2025

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2025

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2026

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2026

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 2027

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2027

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2028

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2028

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2029

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2029

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcttccaa gactggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggaccccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2030

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2030

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Ala Ser Lys Thr Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Pro Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2031

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2031

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 2032

<400> 2032

000

<210> 2033

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2033

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2034

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2034

caaatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcatc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaatccta gtggtggtaa tacggtctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2035

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2035

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asn Thr Val Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 2036

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2036

Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2037

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2037

Ile Asn Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2038

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2038

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2039

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2039

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatcata ggcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactcctg 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2040

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2040

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Arg Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Leu

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2041

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2041

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2042

<400> 2042

000

<210> 2043

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2043

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2044

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2044

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aattactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgac cacagtctat 240

ttggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2045

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2045

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Thr Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2046
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2046
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2047
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2047
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 2048
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2048
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 2049
<211> 330
<212> DNA

<213> Homo sapiens
<400> 2049
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaaccagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccacgct gaccgtccta 330

<210> 2050

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2050

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Thr Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2051

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2051

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 2052

<400> 2052

000

<210> 2053

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2053

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2054

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2054

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggactctgag atctgaggac acggccgttt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2055

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2055

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2056

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2056

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2057

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2057

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2058

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2058

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2059

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2059

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggattccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaggct gaccgtccta 330

<210> 2060

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2060

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Phe Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Arg Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2061

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2061

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2062

<400> 2062

000

<210> 2063

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2063

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2064

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2064

cagatgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaacatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gtagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2065

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2065

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Asn Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2066
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2066
Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
1 5

<210> 2067
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2067
Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 2068
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400
> 2068
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 2069
<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2069

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagtacctc caacattggg actaattatg tctcctggta ccagcagctc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatagta agcgcccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2070

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2070

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Thr Ser Asn Ile Gly Thr Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2071

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2071

Thr Ser Asn Ile Gly Thr Asn Tyr

1 5

<210> 2072

<400> 2072

000

<210> 2073

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2073

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2074

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2074

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgaatg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga ccagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2075

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2075

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Thr Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2076

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2076

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2077

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2077

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2078

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2078

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2079

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2079

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgga ataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2080

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2080

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2081

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2081

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2082

<400> 2082

000

<210> 2083

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2083

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2084

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2084

cagatgcaat tggtgcagtc tgggactgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaacctg gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaaat tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga acagtctgcg atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2085

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2085

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Thr Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Gly Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80
Leu Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2086
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2086
Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2087
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2087
Ile Lys Pro Gly Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 2088
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2088

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2089

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2089

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatg 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2090

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2090

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Met Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2091

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2091

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2092

<400> 2092

000

<210> 2093

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2093

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2094

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2094

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt atttttgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 2095

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2095

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110
Ile Thr Val Ser Ser
115

<210
> 2096

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2096

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
1 5

<210> 2097

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2097

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 2098

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2098

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2099

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2099

cagtctgtat tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2100

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2100

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2101

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2101

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2102

<400> 2102

000

<210> 2103

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2103

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2104

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2104

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatc 60

tcctgcaaga catctggata caccttcatc aactattata tggtctgggt gcgacaggcc 120

ccgggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccca gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2105

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2105

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2106

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2106

Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2107

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2107

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 2108

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2108

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2109

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2109

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2110

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2110

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2111

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2111

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2112

<400> 2112

000

<210> 2113

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2113

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2114

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2114

cagatgcaat tgctgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agcgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata taccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggct 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt gccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgttt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatttctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2115

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2115

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

Ser Ala Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Cys
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Phe Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2116

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2116

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2117

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2117

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2118

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2118

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 2119

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2119

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta tcaccagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttattgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2120

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2120

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr His Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2121

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2121

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2122

<400> 2122

000

<210> 2123

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2123

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2124

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2124

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gcgaagaagc caggggcccc agtgaagttt 60

tctggcaaga catctggata caacttcacc aactactaca tggnctgtgt gcgacaggcc 120

cctgaacagg gactttagtg gatgggcata attaaaccta gcggtggtaa cacaatctcc 180

gcacagaagt accagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggaccaga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 2125

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2125

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

Pro Val Lys Phe Ser Gly Lys Thr Ser Gly Tyr Asn Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Met Xaa Cys Val Arg Gln Ala Pro Glu Gln Gly Leu Xaa Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Ser Ala Gln Lys Tyr
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2126

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2126

Gly Tyr Asn Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2127

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2127

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2128

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 2128

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2129

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2129

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cgggctccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2130

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2130

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2131
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2131
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5
<210> 2132
<400> 2132
000
<210> 2133
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2133
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10
<210> 2134
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 2134
cagatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggttt 60
tcctgcaaga catctggata caccttcacc agttactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgaatg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag ctctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2135

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2135

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2136

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2136

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 2137

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2137

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2138

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2138

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2139

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2139

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggtcc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta cctgcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctgccacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttattgcgga acatgggaca gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggacccagct gaccgtccta 330

<210> 2140

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2140

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Val Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Leu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Ala Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2141

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2141

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2142

<400> 2142

000

<210> 2143

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2143

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2144

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2144

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaagac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatgatca ccgtctcttc a 351

<210> 2145

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2145

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Ile Thr Val Ser Ser

115

<210> 2146

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2146

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 2147

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2147

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2148

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2148

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2149

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2149

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccaacagttt 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2150

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2150

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2151

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2151

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2152

<400> 2152

000

<210> 2153

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2153

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2154

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2154

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 2155

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2155

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 2156

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2156

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2157

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2157

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2158

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2158

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2159

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2159

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2160

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2160

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2161

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2161

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2162

<400> 2162

000

<210> 2163

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2163

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2164

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2164

cagatgaagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgtaaga catctggata caccttcatc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa tacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2165

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2165

Gln Met Lys Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2166

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2166

Gly Tyr Thr Phe Ile Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2167

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2167

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2168

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2168

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2169

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2169

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcaactc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaatcata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctgcctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcggcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2170

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2170

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn His Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2171

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2171

Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr
1 5

<210> 2172

<400> 2172

000

<210> 2173

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2173

Gly Thr Trp Asp Ser Gly Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2174

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2174

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aattattata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgaatg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa tacagtctat 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2175

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2175

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2176

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2176

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2177

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2177

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2178

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2178

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2179

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2179

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagttc caatattggg aataattttg tatcctggta cctgcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggacccagct gaccgtccta 330

<210> 2180

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2180

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Leu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2181

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2181

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 2182

<400> 2182

000

<210> 2183

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2183

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2184

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2184

cagatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctat 180

gcacggaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acattggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2185

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2185

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Arg Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2186

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2186

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 2187

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2187

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2188

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 2188

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2189

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2189

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg agtaattatg tctcctggta ccagcagctc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgcccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2190

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2190

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2191

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2191

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr
1 5

<210> 2192

<400> 2192

000

<210> 2193

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2193

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2194

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2194

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctggggac acggccgtgt attattgtgc gagaagtggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2195

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2195

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Arg Ser Leu Arg Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2196

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2196

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2197

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2197

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2198

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2198

Ala Arg Ser Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2199

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2199

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2200

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2200

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2201

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2201

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2202

<400> 2202

000

<210> 2203

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2203

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2204

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2204

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggctt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccga gtggtggtaa tacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag aacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttt a 351

<210> 2205

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2205

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Leu Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Arg Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Leu

115

<210> 2206

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2206

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2207

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2207

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2208

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2208

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2209

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2209

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgaata ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2210

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2210

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2211

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2211

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2212

<400> 2212

000

<210> 2213

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2213

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2214

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2214

cagatgcaat tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactattata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acagtggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2215

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2215

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Leu Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Val

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 2216

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2216

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2217

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2217

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2218

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2218

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2219

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2219

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatctat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgttggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2220

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2220

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Val Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2221

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2221

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2222

<400> 2222

000

<210> 2223

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2223

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Val Gly Val

1 5 10

<210> 2224

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2224

cagatgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc agctattata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga gtagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2225

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2225

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2226

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2226

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 2227

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2227

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2228

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2228

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2229

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2229

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcacctc caacattggg agtaattatg tctcctggta ccagcagctc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgcccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2230

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2230

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Thr Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2231

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2231

Thr Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr

1 5

<210> 2232

<400> 2232

000

<210> 2233

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2233

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2234

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2234

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctgggcaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gcggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggc 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2235

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2235

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2236

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2236

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2237

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2237

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2238

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2238

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 2239

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2239

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2240

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2240

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

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2241

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2241

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2242

<400> 2242

000

<210> 2243

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2243

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2244

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2244

cagatacaac tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtgtgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtgtac 240

ttggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2245

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2245

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

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80
Leu Asp Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2246

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2246

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2247

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2247

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr
1 5

<210> 2248

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 2248

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2249

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2249

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2250

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2250

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2251

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2251

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2252

<400> 2252

000

<210> 2253

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2253

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2254

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2254

cagatgcaat tgctgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttaagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacaaa cacaatctat 240

ttggacctga gcagtctgag atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2255

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2255

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

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Ile Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2256

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2256

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr
1 5

<210> 2257

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2257

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2258

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2258

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2259

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2259

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattatg tttcctggta tcagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttattgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2260

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2260

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2261

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2261

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2262

<400> 2262

000

<210> 2263

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2263

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2264

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2264

cagatgcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aattactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacgatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctat 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtat attattgtgc gagaactggg 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2265

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2265

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2266

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2266

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2267

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2267

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2268

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2268

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2269

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2269

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caatattgga actaattctc tttcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaggt gaccgtccta 330

<210> 2270

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2270

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Asn

20 25 30

Ser Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2271

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2271

Ser Ser Asn Ile Gly Thr Asn Ser

1 5

<210> 2272

<400> 2272

000

<210> 2273

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2273

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2274

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2274

cagattcagt tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc ggctactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga acagtctgag atctgaggac acggccgtct attattgtgc gagaactgga 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccacggg acaatggtca ccgtgtcttc a 351

<210> 2275

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2275

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr

20 25 30

Tyr Met Val Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly Thr Met

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 2276

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2276

Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr Tyr

1 5

<210> 2277

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2277

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 2278

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2278

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2279

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2279

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcaactc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta 330

<210> 2280

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2280

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2281

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2281

Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 2282

<400> 2282

000

<210> 2283

<211> 11

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2283

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val

1 5 10

<210> 2284

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2284

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gacttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtaa cacaatctac 180

gcacagagtt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa cacagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2285

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2285

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

Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr Ile Tyr Ala Gln Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2286

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2286

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2287

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2287

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asn Thr

1 5

<210> 2288

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2288

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2289

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2289

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tgctggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2290

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2290

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Gly Ala Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 2291
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2291
Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
1 5

<210> 2292
<400> 2292
000

<210> 2293
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2293
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Ala Gly Val
1 5 10

<210> 2294
<211> 351
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 2294

cagatacagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaggttt 60

tcctgcaaga catctggata caccttcacc aactactata tggtctgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggcata atcaaaccta gtggtggtga cacaatctac 180

gcacagaact tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgaa ctcagtctac 240

atggacctga ggagtctgag atctgaggac acggccgtgt attattgtgc gagaactggt 300

gatagggctt ttgatgtctg gggccaaggg acaatggtca ccgtctcttc a 351

<210> 2295

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2295

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

Ser Val Arg Phe Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Ile Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Asn Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Asn Ser Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2296

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2296

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Tyr

1 5

<210> 2297

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2297

Ile Lys Pro Ser Gly Gly Asp Thr

1 5

<210> 2298

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2298

Ala Arg Thr Gly Asp Arg Ala Phe Asp Val

1 5 10

<210> 2299

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2299

cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gacgcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccaacagttc 120

ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata aacgaccctc agggattcct 180

gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctggg tactggggtg 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2300

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2300

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Arg Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn

20 25 30

Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln

65 70 75 80

Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu

85 90 95

Gly Thr Gly Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2301

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2301

Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe

1 5

<210> 2302

<400> 2302

000

<210> 2303

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2303

Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Gly Thr Gly Val

1 5 10

<210> 2304

<211> 387

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2304

caggtccacc tgatacaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg tttccggata caccctcatt gaagtatccg tgcactgggt gcgacaggct 120

cctggaaaag ggcttgagtg gatgggaggt tttgatcctg aagcagctga aacaatctac 180

gcacagaaat tccagggcag agtcaccatg accgaggaca catctacaga cacagcctac 240

atggacctga gcagcctgaa atctgaagac tcggccgtat attactgtgc aataggacca 300

gcagtgactg gtagaaactc cggggaatac tattactatt acggtatgga cgtctggggc 360

caagggacca cggtcaccgt cgcctca 387

<210> 2305

<211> 129

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2305

Gln Val His Leu Ile Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Leu Ile Glu Val

20 25 30

Ser Val His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Phe Asp Pro Glu Ala Ala Glu Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Glu Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Asp Leu Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ile Gly Pro Ala Val Thr Gly Arg Asn Ser Gly Glu Tyr Tyr Tyr

100 105 110

Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ala

115 120 125

Ser

<210> 2306

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2306

Gly Tyr Thr Leu Ile Glu Val Ser

1 5

<210> 2307

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2307

Phe Asp Pro Glu Ala Ala Glu Thr

1 5

<210> 2308

<211> 22

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2308

Ala Ile Gly Pro Ala Val Thr Gly Arg Asn Ser Gly Glu Tyr Tyr Tyr

1 5 10 15

Tyr Tyr Gly Met Asp Val

20

<210> 2309

<211> 321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2309

gaaatagtga tgacccagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcttgca gggccagtca gagtgttaac agcaacttgg cctggtacca gcagaagcct 120

ggccaggccc ccaggctcct catctatgct gtatccacca gggccactgg tctcccagcc 180

aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagaa ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240

gaagactttg tagtttatta ctgtcaccag tataataact ggccgctcac tttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 2310

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2310

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Asn Ser Asn

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Val Ser Thr Arg Ala Thr Gly Leu Pro Ala Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Val Val Tyr Tyr Cys His Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 2311

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2311

Gln Ser Val Asn Ser Asn

1 5

<210> 2312

<400> 2312

000

<210> 2313

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2313

His Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr

1 5

<210> 2314

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2314

caggtccaac tggtacagtc tggggctgag gtgaggaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg tttccggata caccctccct gaattagcca tacactgggt gcgacaggcg 120

cctggaaaag ggcttgagtg gatgggggggt tttattcctg aagatggtga cacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accgaggaca catctacaga cacagcctac 240

atggacctga ccagcctgag atctgaggac gcggccgtgt attactgtac atcaggctgg 300

gcagcacctg gatacaatta cggaatggcc gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 2315

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2315

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Arg Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Leu

20 25 30

Ala Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Phe Ile Pro Glu Asp Gly Asp Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Glu Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Ser Gly Trp Ala Ala Pro Gly Tyr Asn Tyr Gly Met Ala Val Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 2316

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2316

Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Leu Ala

1 5

<210> 2317

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2317

Phe Ile Pro Glu Asp Gly Asp Thr

1 5

<210> 2318

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2318

Thr Ser Gly Trp Ala Ala Pro Gly Tyr Asn Tyr Gly Met Ala Val

1 5 10 15

<210> 2319

<211> 324

<212> DNA

<213>

Homo sapiens

<400> 2319

gaagttgtgt tgacgcagtc tccaggcact ttgtctttgt cttcagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agtaactact tagcctggta ccagaagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatttat ggtgcatcca gcagggtcac tggcatccca 180

gacaggttcg gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcaa caatatgatg cctcaccgta cagttttggc 300

caggggacca agctggacat caaa 324

<210> 2320

<211> 108

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2320

Glu Val Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Ser Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Val Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Gly

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ala Ser Pro

85 90 95

Tyr Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Asp Ile Lys

100 105

<210> 2321

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2321

Gln Ser Val Ser Ser Asn Tyr

1 5

<210> 2322

<400

> 2322

000

<210> 2323

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2323

Gln Gln Tyr Asp Ala Ser Pro Tyr Ser

1 5

<210> 2324

<211> 366

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2324

caggtccagt tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgagggtc 60

tcctgcaagg tttccggata caccctccct gaattagcca tacactgggt gcgacaggct 120

cctggaaaag ggcttgagtg gatgggaggt tttgatcctg aggatggtga gacaatctac 180

gcacagaagt tccagggtag agtcatcatg accgaggaca catccacaga cacagcctac 240

atggacctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgt aaaaacctgg 300

gcagcgcccg gatataatta cggtttggac acctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 2325

<211> 122

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2325

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Arg Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Leu

20 25 30

Ala Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Phe Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Ile Met Thr Glu Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Lys Thr Trp Ala Ala Pro Gly Tyr Asn Tyr Gly Leu Asp Thr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 2326

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2326

Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Leu Ala

1 5

<210> 2327

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2327

Phe Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr

1 5

<210> 2328

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2328

Val Lys Thr Trp Ala Ala Pro Gly Tyr Asn Tyr Gly Leu Asp Thr

1 5 10 15

<210> 2329

<211> 324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2329

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcatc ctgtctttgt ctccagggga aagtgccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtattgcc agcaactact tagcctggtt ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccgc tggcttccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcaa gagactggag 240

cctgaagatt ctgcagtgta ttattgtcag cactatggta gctcaccgtg cagttttggc 300

caggggacca acctggagat caaa 324

<210> 2330

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2330

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Ile Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ala Ser Asn

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Ala Gly Phe Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Lys Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Gln His Tyr Gly Ser Ser Pro

85 90 95

Cys Ser Phe Gly Gln Gly Thr Asn Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 2331

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2331

Gln Ser Ile Ala Ser Asn Tyr

1 5

<210> 2332

<400> 2332

000

<210> 2333

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2333

Gln His Tyr Gly Ser Ser Pro Cys Ser

1 5

<210> 2334

<211> 363

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2334

caggtccagc tggtacagtc tgggactgaa gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg tttccggata caccctccct gaattggcca ttcactgggt gcgacaggct 120

cctggaaaag ggcttgagtg gatgggaact tttgatcctg aagatggtga aacaatctgc 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accgaggaca catctacaga cacagcctac 240

atggacctga gcagcctcag atctgaggac acggccgttt attactgtgc aacaacgtcg 300

attatagcag ctcggtggtg gttcgacccc tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 2335

<211> 121

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2335

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Thr Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Leu

20 25 30

Ala Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Thr Phe Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr Ile Cys Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Glu Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Thr Thr Ser Ile Ile Ala Ala Arg Trp Trp Phe Asp Pro Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 2336

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2336

Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Leu Ala

1 5

<210> 2337

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2337

Phe Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr

1 5

<210> 2338

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2338

Ala Thr Thr Ser Ile Ile Ala Ala Arg Trp Trp Phe Asp Pro

1 5 10

<210> 2339

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2339

caatctgccc tgactcagcc tccctccgcg tccgggtctc ctggacagtc agtcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttatgact atgtctcctg gtaccaacaa 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaagcggcc ctcaggggtc 180

cctgatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccgt ctctgggctc 240

caggctgagg atgaggctga ttattactgc agttcatttg caggcagcaa caatgtggtt 300

ttcggcggag gggccaagct gaccgtcctg 330

<210> 2340

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2340

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asp Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Phe Ala Gly Ser

85 90 95

Asn Asn Val Val Phe Gly Gly Gly Ala Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2341

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2341

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asp Tyr

1 5

<210> 2342

<400> 2342

000

<210> 2343

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2343

Ser Ser Phe Ala Gly Ser Asn Asn Val Val

1 5 10

<210> 2344

<211> 384

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2344

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agttatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcaatt atttggtatg atggaagtaa gaaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgaat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaagag 300

gatatagtgg cttcgggggg gctctattac aacttcaacg gtatggacgt ctggggccaa 360

gggaccacgg tcaccgtttc ctca 384

<210> 2345

<211> 128

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2345

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Lys Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Asn

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Glu Glu Asp Ile Val Ala Ser Gly Gly Leu Tyr Tyr Asn Phe

100 105 110

Asn Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 2346

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2346

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly

1 5

<210> 2347

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2347

Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Lys Lys

1 5

<210> 2348

<211> 21

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2348

Ala Arg Glu Glu Asp Ile Val Ala Ser Gly Gly Leu Tyr Tyr Asn Phe

1 5 10 15

Asn Gly Met Asp Val

20

<210> 2349

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2349

tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagcatc 60

acctgctctg gagataaatt gggggataaa tatgcttgct ggtatcagca gaagccaggc 120

cagtcccctg tgctggtcat ctatcaagat agcaagcggc cctcagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaactctgg gaacacagcc actctgacca tcaacgggac ccaggctatg 240

gatgaggctg actatttctg tcaggcgtgg gacagcacca ctgtggtatt cggcggaggg 300

accaagctga ccgtccta 318

<210> 2350

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2350

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala

20 25 30

Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Asn Gly Thr Gln Ala Met

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Ala Trp Asp Ser Thr Thr Val Val

85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 2351

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2351

Lys Leu Gly Asp Lys Tyr

1 5

<210> 2352

<400> 2352

000

<210> 2353

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2353

Gln Ala Trp Asp Ser Thr Thr Val Val

1 5

<210> 2354

<211> 369

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2354

caggtccagc tggtacaatc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg tttccggata caccctccct gaaatatcca tacactgggt gcgacaggct 120

cctggaaaag ggcttgagtg gatgggaggt tttgatcctg aagatggtga aacaatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtgatcatg accgaggaca catctacaga cacagcctat 240

atggacctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt atttctgtgc agctgccccg 300

gctatagctt cagcttcaac cttctggctc gacccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctccaca 369

<210> 2355

<211> 123

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2355

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Ile

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

85 90 95
Ala Ala Ala Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ser Thr Phe Trp Leu Asp Pro
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Thr
115 120

<210> 2356

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2356

Gly Tyr Thr Leu Pro Glu Ile Ser
1 5

<210> 2357

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2357

Phe Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr

1 5

<210> 2358

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2358

Ala Ala Ala Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ser Thr Phe Trp Leu Asp Pro

1 5 10 15

<210> 2359

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2359

cagtctgccc tgactcagcc tccctccgcg tccgggtctc ctggacagtc agtcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca ctaagcggcc ctcaggggtc 180

cctgatcgct tctctggctc caagtctgac aacacggcct ccctgaccgt ctctgggctc 240

caggctgagg atgaggctga ttattactgc agttcatatg caggcagcaa caatttggta 300

ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 2360

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2360

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Thr Lys Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Asp Asn Thr Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser

85 90 95

Asn Asn Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 2361

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2361

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 2362

<400> 2362

000

<210> 2363

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2363

Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Leu Val

1 5 10

<210> 2364

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2364

Asn Ile Gly Ser Lys Gly

1 5

<210> 2365

<211> 354

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2365

gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ctggtcaagc ctgggggGtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagtg ggtctcgtcc attagtactg gtagtagtta catattctac 180

gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acagctgtat attactgtgc gaaaactggg 300

gatcttcctt tctttgacta ctggggccag ggaaccctgg tcaccgtctc ctca 354

<210> 2366

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2366

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Gly Ser Ser Tyr Ile Phe Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Thr Gly Asp Leu Pro Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 2367

<211> 330

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2367

cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240

caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caagcagcag cactatggta 300

ttcggcggag ggaccaagct gtccgtccta 330

<210> 2368

<211> 110

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2368

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser

85 90 95

Ser Thr Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ser Val Leu

100 105 110

<210> 2369

<211> 360

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2369

caggtgcagc tgcagcagtc gggcccagga ctgctgaagc cttcggggac cctgtccctc 60

acctgcgctg tctctggtgg ctccatcaga agtagtaact ggtggatttg ggtccgccag 120

tccccaggga aggggctgga gtggattggg gaaatctatc atggtgggaa caccaattac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccata tcagtcgaca agtccaagca ccagttctcc 240

ctgaagctga cctctgtgac cgccgcggac acggccgtct attactgtgc gagagctctt 300

tacgatatcg ggggagtttt tgatctttgg ggccaaggga ctatggtcac cgtctcttca 360

<210> 2370

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2370

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

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Arg Ser Ser
20 25 30

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

Ile Gly Glu Ile Tyr His Gly Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Lys His Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Lys Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Ile Gly Gly Val Phe Asp Leu Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120