



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2020년01월03일

(11) 등록번호 10-2062231

(24) 등록일자 2019년12월27일

- (51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/28 (2006.01) **A61K 39/395** (2006.01)
A61P 35/02 (2006.01) **A61P 37/00** (2006.01)
C12N 15/09 (2006.01)
- (21) 출원번호 10-2014-7016296
- (22) 출원일자(국제) 2012년11월15일
 심사청구일자 2017년11월14일
- (85) 번역문제출일자 2014년06월16일
- (65) 공개번호 10-2014-0105757
- (43) 공개일자 2014년09월02일
- (86) 국제출원번호 PCT/EP2012/072699
- (87) 국제공개번호 WO 2013/072406
 국제공개일자 2013년05월23일
- (30) 우선권주장
 61/560,144 2011년11월15일 미국(US)
 (뒷면에 계속)
- (56) 선행기술조사문헌
 Mol Cancer Ther. 2007, 6(11):3009-3018.*
 W02009132058 A2*
 *는 심사관에 의하여 인용된 문헌

- (73) 특허권자
암젠 리서치 (뮌헨) 게엠베하
 독일 뮌헨, 스타펠지스트리트 2, 81477
암젠 인코포레이티드
 미국 캘리포니아 91320-1799 사우전드 오크스 원
 암젠 센터 드라이브
- (72) 발명자
쿠퍼, 피터
 독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서
 치 (뮌헨) 게엠베하 내
라움, 토비아스
 독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서
 치 (뮌헨) 게엠베하 내
 (뒷면에 계속)
- (74) 대리인
특허법인다나

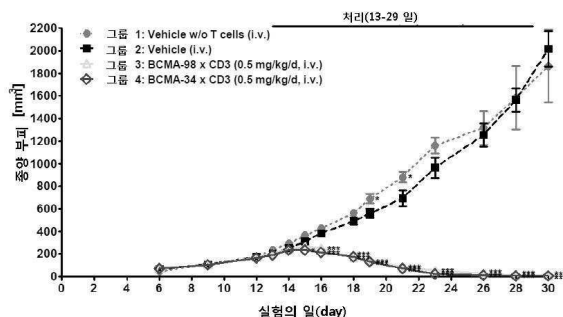
전체 청구항 수 : 총 20 항

심사관 : 이현지

(54) 발명의 명칭 BCMA 및 CD3에 대한 결합 분자

(57) 요약

본 발명은 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 상기 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열, 상기 핵산 서열을 포함하는 벡터 및 상기 벡터로 형질전환 또는 형질감염된 숙주세포를 제공한다. 나아가 본 발명은 본 발명의 결합 분자의 생산 방법, 상기 결합 분자의 의약적 용도 및 상기 결합 분자를 포함하는 키트를 제공한다.

대표도 - 도16

(72) 발명자

호프만, 페트릭

독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서치 (뮌헨) 게엠베하 내

키셀, 로만

독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서치 (뮌헨) 게엠베하 내

루터뷔세, 랄프

독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서치 (뮌헨) 게엠베하 내

라우, 도리스

독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서치 (뮌헨) 게엠베하 내

아담, 폴

독일 인겔하임 암 라인 55216, 빙거 슈트라쎄 173, 코퍼레이트 페이튼츠, 베링거 인겔하임 게엠베하 내

보게스, 에릭

독일 인겔하임 암 라인 55216, 빙거 슈트라쎄 173, 코퍼레이트 페이튼츠, 베링거 인겔하임 게엠베하 내

헤베이스, 바바라

독일 인겔하임 암 라인 55216, 빙거 슈트라쎄 173, 코퍼레이트 페이튼츠, 베링거 인겔하임 게엠베하 내

힉, 수잔느

독일 인겔하임 암 라인 55216, 빙거 슈트라쎄 173, 코퍼레이트 페이튼츠, 베링거 인겔하임 게엠베하 내

(30) 우선권주장

61/560,149 2011년11월15일 미국(US)

61/560,162 2011년11월15일 미국(US)

61/560,178 2011년11월15일 미국(US)

61/560,183 2011년11월15일 미국(US)

61/651,474 2012년05월24일 미국(US)

61/651,486 2012년05월24일 미국(US)

명세서

청구범위

청구항 1

- (a) 서열번호: 1016로 표시되는 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인; 및
- (b) T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합분자로서,

상기 제1 및 제2 결합 도메인은 항체로부터 유래한 것이고,

상기 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 것인 결합 분자:

- (1) 서열번호: 1에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 2에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 3에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 4에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 5에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 6에 나타낸 CDR-L3;
- (2) 서열번호: 11에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 12에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 13에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 14에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 15에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 16에 나타낸 CDR-L3;
- (3) 서열번호: 21에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 22에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 23에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 24에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 25에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 26에 나타낸 CDR-L3;
- (4) 서열번호: 31에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 32에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 33에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 34에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 35에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 36에 나타낸 CDR-L3;
- (5) 서열번호: 41에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 42에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 43에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 44에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 45에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 46에 나타낸 CDR-L3;
- (6) 서열번호: 51에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 52에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 53에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 54에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 55에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 56에 나타낸 CDR-L3;
- (7) 서열번호: 61에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 62에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 63에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 64에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 65에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 66에 나타낸 CDR-L3;
- (8) 서열번호: 71에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 72에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 73에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 74에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 75에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 76에 나타낸 CDR-L3;
- (9) 서열번호: 161에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 162에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 163에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 164에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 165에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 166에 나타낸 CDR-L3;
- (10) 서열번호: 171에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 172에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 173에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 174에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 175에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 176에 나타낸 CDR-L3;
- (11) 서열번호: 181에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 182에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 183에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 184에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 185에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 186에 나타낸 CDR-L3;
- (12) 서열번호: 191에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 192에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 193에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 194에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 195에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 196에 나타낸 CDR-L3;
- (13) 서열번호: 201에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 202에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 203에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 204에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 205에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 206에 나타낸 CDR-L3;
- (14) 서열번호: 211에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 212에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 213에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 214에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 215에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 216에 나타낸 CDR-L3;
- (15) 서열번호: 221에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 222에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 223에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 224에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 225에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 226에 나타낸 CDR-L3;

- [illegible]

- (37) 서열번호: 711에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 712에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 713에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 714에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 715에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 716에 나타낸 CDR-L3;
- (38) 서열번호: 721에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 722에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 723에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 724에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 725에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 726에 나타낸 CDR-L3;
- (39) 서열번호: 731에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 732에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 733에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 734에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 735에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 736에 나타낸 CDR-L3;
- (40) 서열번호: 741에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 742에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 743에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 744에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 745에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 746에 나타낸 CDR-L3;
- (41) 서열번호: 751에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 752에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 753에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 754에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 755에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 756에 나타낸 CDR-L3;
- (42) 서열번호: 761에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 762에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 763에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 764에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 765에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 766에 나타낸 CDR-L3;
- (43) 서열번호: 771에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 772에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 773에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 774에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 775에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 776에 나타낸 CDR-L3;
- (44) 서열번호: 781에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 782에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 783에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 784에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 785에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 786에 나타낸 CDR-L3;
- (45) 서열번호: 791에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 792에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 793에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 794에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 795에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 796에 나타낸 CDR-L3;
- (46) 서열번호: 801에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 802에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 803에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 804에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 805에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 806에 나타낸 CDR-L3;
- (47) 서열번호: 811에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 812에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 813에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 814에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 815에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 816에 나타낸 CDR-L3;
- (48) 서열번호: 821에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 822에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 823에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 824에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 825에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 826에 나타낸 CDR-L3;
- (49) 서열번호: 831에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 832에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 833에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 834에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 835에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 836에 나타낸 CDR-L3;
- (50) 서열번호: 961에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 962에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 963에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 964에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 965에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 966에 나타낸 CDR-L3;
- (51) 서열번호: 971에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 972에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 973에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 974에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 975에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 976에 나타낸 CDR-L3;
- (52) 서열번호: 981에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 982에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 983에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 984에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 985에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 986에 나타낸 CDR-L3; 및
- (53) 서열번호: 991에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 992에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 993에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 994에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 995에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 996에 나타낸 CDR-L3.

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 추가로 서열번호: 1017로 표시되는 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있는 것인 결합 분자.

청구항 3

제1항에 있어서, 상기 제2 결합 도메인은 CD3 앵실론에 결합할 수 있는 것인 결합 분자.

청구항 4

제1항에 있어서, 상기 제2 결합 도메인은 인간 CD3 및 마카크 CD3에 결합할 수 있는 것인 결합 분자.

청구항 5

제1항에 있어서, (scFv)₂, (단일 도메인 mAb)₂, scFv-단일 도메인 mAb, 디아바디 및 그의 올리고머로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 결합 분자.

청구항 6

제1항에 있어서,

상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 7, 서열번호: 17, 서열번호: 27, 서열번호: 37, 서열번호: 47, 서열번호: 57, 서열번호: 67, 서열번호: 77, 서열번호: 167, 서열번호: 177, 서열번호: 187, 서열번호: 197, 서열번호: 207, 서열번호: 217, 서열번호: 227, 서열번호: 317, 서열번호: 327, 서열번호: 337, 서열번호: 347, 서열번호: 357, 서열번호: 367, 서열번호: 377, 서열번호: 387, 서열번호: 587, 서열번호: 597, 서열번호: 607, 서열번호: 617, 서열번호: 627, 서열번호: 637, 서열번호: 647, 서열번호: 657, 서열번호: 667, 서열번호: 677, 서열번호: 687, 서열번호: 697, 서열번호: 707, 서열번호: 717, 서열번호: 727, 서열번호: 737, 서열번호: 747, 서열번호: 757, 서열번호: 767, 서열번호: 777, 서열번호: 787, 서열번호: 797, 서열번호: 807, 서열번호: 817, 서열번호: 827, 서열번호: 837, 서열번호: 967, 서열번호: 977, 서열번호: 987, 및 서열번호: 997 에 나타난 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것인 결합 분자.

청구항 7

제1항에 있어서,

상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 8, 서열번호: 18, 서열번호: 28, 서열번호: 38, 서열번호: 48, 서열번호: 58, 서열번호: 68, 서열번호: 78, 서열번호: 168, 서열번호: 178, 서열번호: 188, 서열번호: 198, 서열번호: 208, 서열번호: 218, 서열번호: 228, 서열번호: 318, 서열번호: 328, 서열번호: 338, 서열번호: 348, 서열번호: 358, 서열번호: 368, 서열번호: 378, 서열번호: 388, 서열번호: 588, 서열번호: 598, 서열번호: 608, 서열번호: 618, 서열번호: 628, 서열번호: 638, 서열번호: 648, 서열번호: 658, 서열번호: 668, 서열번호: 678, 서열번호: 688, 서열번호: 698, 서열번호: 708, 서열번호: 718, 서열번호: 728, 서열번호: 738, 서열번호: 748, 서열번호: 758, 서열번호: 768, 서열번호: 778, 서열번호: 788, 서열번호: 798, 서열번호: 808, 서열번호: 818, 서열번호: 828, 서열번호: 838, 서열번호: 968, 서열번호: 978, 서열번호: 988, 및 서열번호: 998 에 나타난 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것인 결합 분자.

청구항 8

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함하는 것인 결합 분자:

- (1) 서열번호: 7에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 8에 나타난 VL 영역;
- (2) 서열번호: 17에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 18에 나타난 VL 영역;

- (3) 서열번호: 27에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 28에 나타낸 VL 영역;
- (4) 서열번호: 37에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 38에 나타낸 VL 영역;
- (5) 서열번호: 47에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 48에 나타낸 VL 영역;
- (6) 서열번호: 57에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 58에 나타낸 VL 영역;
- (7) 서열번호: 67에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 68에 나타낸 VL 영역;
- (8) 서열번호: 77에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 78에 나타낸 VL 영역;;
- (9) 서열번호: 167에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 168에 나타낸 VL 영역;
- (10) 서열번호: 177에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 178에 나타낸 VL 영역;
- (11) 서열번호: 187에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 188에 나타낸 VL 영역;
- (12) 서열번호: 197에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 198에 나타낸 VL 영역;
- (13) 서열번호: 207에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 208에 나타낸 VL 영역;
- (14) 서열번호: 217에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 218에 나타낸 VL 영역;
- (15) 서열번호: 227에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 228에 나타낸 VL 영역;
- (16) 서열번호: 317에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 318에 나타낸 VL 영역;
- (17) 서열번호: 327에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 328에 나타낸 VL 영역;
- (18) 서열번호: 337에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 338에 나타낸 VL 영역;
- (19) 서열번호: 347에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 348에 나타낸 VL 영역;
- (20) 서열번호: 357에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 358에 나타낸 VL 영역;
- (21) 서열번호: 367에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 368에 나타낸 VL 영역;
- (22) 서열번호: 377에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 378에 나타낸 VL 영역;
- (23) 서열번호: 387에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 388에 나타낸 VL 영역;
- (24) 서열번호: 587에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 588에 나타낸 VL 영역;
- (25) 서열번호: 597에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 598에 나타낸 VL 영역;
- (26) 서열번호: 607에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 608에 나타낸 VL 영역;
- (27) 서열번호: 617에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 618에 나타낸 VL 영역;
- (28) 서열번호: 627에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 628에 나타낸 VL 영역;
- (29) 서열번호: 637에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 638에 나타낸 VL 영역;
- (30) 서열번호: 647에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 648에 나타낸 VL 영역;
- (31) 서열번호: 657에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 658에 나타낸 VL 영역;
- (32) 서열번호: 667에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 668에 나타낸 VL 영역;
- (33) 서열번호: 677에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 678에 나타낸 VL 영역;
- (34) 서열번호: 687에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 688에 나타낸 VL 영역;
- (35) 서열번호: 697에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 698에 나타낸 VL 영역;
- (36) 서열번호: 707에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 708에 나타낸 VL 영역;
- (37) 서열번호: 717에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 718에 나타낸 VL 영역;
- (38) 서열번호: 727에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 728에 나타낸 VL 영역;

- (39) 서열번호: 737에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 738에 나타난 VL 영역;
- (40) 서열번호: 747에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 748에 나타난 VL 영역;
- (41) 서열번호: 757에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 758에 나타난 VL 영역;
- (42) 서열번호: 767에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 768에 나타난 VL 영역;
- (43) 서열번호: 777에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 778에 나타난 VL 영역;
- (44) 서열번호: 787에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 788에 나타난 VL 영역;
- (45) 서열번호: 797에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 798에 나타난 VL 영역;
- (46) 서열번호: 807에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 808에 나타난 VL 영역;
- (47) 서열번호: 817에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 818에 나타난 VL 영역;
- (48) 서열번호: 827에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 828에 나타난 VL 영역;
- (49) 서열번호: 837에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 838에 나타난 VL 영역;
- (50) 서열번호: 967에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 968에 나타난 VL 영역;
- (51) 서열번호: 977에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 978에 나타난 VL 영역;
- (52) 서열번호: 987에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 988에 나타난 VL 영역; 및
- (53) 서열번호: 997에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 998에 나타난 VL 영역.

청구항 9

제8항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 9, 서열번호: 19, 서열번호: 29, 서열번호: 39, 서열번호: 49, 서열번호: 59, 서열번호: 69, 서열번호: 79, 서열번호: 169, 서열번호: 179, 서열번호: 189, 서열번호: 199, 서열번호: 209, 서열번호: 219, 서열번호: 229, 서열번호: 319, 서열번호: 329, 서열번호: 339, 서열번호: 349, 서열번호: 359, 서열번호: 369, 서열번호: 379, 서열번호: 389, 서열번호: 589, 서열번호: 599, 서열번호: 609, 서열번호: 619, 서열번호: 629, 서열번호: 639, 서열번호: 649, 서열번호: 659, 서열번호: 669, 서열번호: 679, 서열번호: 689, 서열번호: 699, 서열번호: 709, 서열번호: 719, 서열번호: 729, 서열번호: 739, 서열번호: 749, 서열번호: 759, 서열번호: 769, 서열번호: 779, 서열번호: 789, 서열번호: 799, 서열번호: 809, 서열번호: 819, 서열번호: 829, 서열번호: 839, 서열번호: 969, 서열번호: 979, 서열번호: 989, 및 서열번호: 999 로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 것인 결합 분자.

청구항 10

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 서열번호: 340 또는 서열번호: 980 에 나타난 아미노산 서열을 갖는 결합 분자.

청구항 11

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 350 미만의 EC50 (pg/ml)을 특징으로 하는 결합 분자.

청구항 12

제11항에 있어서, 320 미만의 EC50 (pg/ml)을 특징으로 하는 결합 분자.

청구항 13

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, BC E5 33-B11-B8, BC 5G9 92-E10, BC 5G9 91-D2-B10, BC B12 33-A4-B2, BC 3A4 37-A11-G1, BC A7-27 C4-G7, BC C3 33-D7-B1, BC C3 33-F8-E6 B1 중 어느 하나의 EC50 (pg/ml)과 동등한 EC50 (pg/ml)을 특징으로 하는 결합 분자.

청구항 14

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자.

청구항 15

제14항의 핵산 분자를 포함하는 벡터.

청구항 16

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자 또는 제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자를 포함하는 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포.

청구항 17

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자를 포함하는 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포를 배양하고 배양액으로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함하는, 제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 따른 결합 분자의 생산 방법.

청구항 18

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 따른 결합 분자를 포함하는, 다발성 골수종, 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수외 형질 세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 무증상 다발골수종 및 자가면역질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 치료 또는 완화용 약학적 조성물.

청구항 19

제18항에 있어서, 상기 자가면역 질환은 전신홍반성 낭창인 약학적 조성물.

청구항 20

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자;

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자;

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자를 포함하는 벡터; 및

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자 또는 제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 분자를 포함하는 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포로 이루어진 군으로부터 선택되는 하나 이상을 포함하는 키트.

청구항 21

삭제

청구항 22

삭제

청구항 23

삭제

청구항 24

삭제

청구항 25

삭제

청구항 26

삭제

발명의 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있고 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는, 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 결합 분자를 인코딩하는 핵산 서열, 상기 핵산 서열을 포함하는 벡터 및 상기 벡터로 형질전환되거나 형질감염된 숙주 세포를 제공한다. 또한, 본 발명은 본 발명의 결합 분자의 생산 방법, 상기 결합 분자의 의약 용도 및 상기 결합 분자를 포함하는 키트를 제공한다.

배경 기술

[0002] BCMA (B-세포 성숙 항원, B-cell maturation antigen, TNFRSF17, CD269)는 TNF 수용체 슈퍼 패밀리에 속하는 막관통 단백질이다. BCMA는 본래 인간 성숙 B 림프구의 골지체의 내재성 막 단백질, 즉, BCMA가 B-세포 발달 및 항상성에 중요한 역할을 갖는 것으로 보인다는 점을 보여주는 세포내 단백질 (Gras et al., (1995) International Immunol 7(7):1093-1105)로서 보고되었다. Gras et al.의 연구결과는, Gras et al.에서 기술되었던 BCMA 단백질이, 염색체 전좌 때문에, BCMA 및 IL-2의 융합 단백질이라는 사실과 관련된 것일 수도 있다. 한편 BCMA는, 그러나, 아마도 그의 리간드 BAFF (B 세포 활성화 인자)와의 필수적인 상호작용에 기인하여, B-세포 발달 및 항상성 (Schliemann et al., (2001) Science 293 (5537):2111-2114)에 필수적인 B-세포 마커로 확립되었고, 또한 TALL-1 또는 TNFSF13B, 및 APRIL (증식-유도 리간드)로 지정되었다.

[0003] BCMA 발현은 B-세포 계통에 제한되고 주로 형질 세포 및 형질아세포에 존재하며, 어느 정도는 기억 B-세포에 존재하나, 말초 및 미감작 B-세포(naive B-cell)에는 거의 없다. BCMA는 또한 다발성 골수종 (MM) 세포에서 발현된다. 그의 패밀리 구성원인 막관통 활성화자 및 사이클로필린 리간드 인터랙터(transmembrane activator and cyclophilin ligand interactor; TACI) 및 TNF 패밀리 수용체의 B 세포 활성화 인자(BAFF-R)와 함께, BCMA는 체액성 면역, B-세포 발달 및 항상성의 다른 측면을 조절한다. BCMA의 발현은 B-세포 분화의 말기에 다소 나타나고 골수 내 형질아세포 및 형질 세포의 장기간 생존에 기여한다. 마우스에서 BCMA 유전자의 표적된 결실은 성숙 B-세포의 생성, 체액성 면역 반응의 질과 규모, 배중심(germinal center)의 형성 및 수명이 짧은 형질 세포의 생성에 영향을 미치지 않는다. 그러나, 이와 같은 마우스는 골수에서 수명이 긴 형질 세포의 수가 상당히 감소하는데, 이는 그들의 생존에 BCMA가 중요함을 가리킨다 (O'Connor et al., 2004).

[0004] 이 연구결과와 일치하는 것으로, BCMA는 또한 다발성 골수종 (MM) 세포의 성장 및 생존을 지원한다. Novak et al은 MM 세포주 및 새롭게 분리된(freshly isolated) MM 세포가 그들의 세포 표면에서 BCMA 및 TACI 단백질을

발현하고, 그들의 세포 표면에서 BAFF-R 단백질을 가변적으로 발현하는 것을 알아내었다 (Novak et al., (2004) Blood 103(2):689-694).

- [0005] 다발성 골수종 (MM)은 두 번째로 흔한 혈액학상의 악성종양이고 모든 암 사망의 2%를 차지한다. MM은 외생 (heterogenous) 질환이고 대부분 염색체 전좌, 그 중에서도 t(11;14), t(4;14), t(8;14), del(13), del(17)에 의하여 유발된다 (Drach et al., (1998) Blood 92(3):802-809; Gertz et al., (2005) Blood 106(8):2837-2840; Facon et al., (2001) Blood 97(6):1566-1571). MM-발생 환자들은 골수 침윤, 골 파괴, 신부전, 면역결핍에 기인한 다양한 질병-관련 증상, 및 암 진단의 심리사회적 부담을 경험할 수도 있다. 2006년, MM에 대한 5년의 상대적인 생존율은 대략 34%이었다는 사실은, MM이 현재 치료적 옵션(curative option)이 없는 치료가 어려운 질환임을 강조한다.
- [0006] 화학요법 및 줄기 세포 이식 접근법과 같은 흥미로운 새로운 치료법이 이용가능하게 되고 생존율이 향상되었지만, 때때로 원치않는 부작용을 일으켜, MM은 여전히 불치병으로 남아있다 (Lee et al., (2004) J Natl Compr Canc Netw 8 (4): 379-383). 지금까지, 다발성 골수종 환자에 가장 빈번하게 사용되는 두 가지의 치료 옵션은 스테로이드, 탈리도마이드, 레날리도마이드, 보르테조미 또는 다양한 세포독성제의 조합 및 어린 환자에 대한 자가 줄기 세포 이식과 함께하는 고 용량 화학요법 컨셉이다.
- [0007] 대부분의 이식은 자가 유래 유형, 즉, 환자 자신의 세포를 이용한 것이다. 그러한 이식은, 치료효과가 있는 것은 아니지만, 선택된 환자의 수명을 연장하는 것으로 나타났다. 처음 진단받은 환자에서 최초 치료법으로 또는 재발 시 이식을 실시할 수 있다. 때로, 선택된 환자에서, 질환을 충분히 조절하기 위하여 1회 이상의 이식이 추천될 수도 있다.
- [0008] 질환의 치료를 위하여 사용되는 화학요법제는 사이클로포스파미드, 독소루비신, 빈크리스틴 및 멜팔란이고, 탈리도마이드 (Thalomid®), 레날리도마이드 (Revlimid®), 보르테조미 (Velcade®) 및 코르티코스테로이드 (예를 들어, 텍사메타손)와 같은 면역조절제와의 병용 요법이 새롭게 진단받은 환자 및 화학요법 중이거나 이식에 실패한 질병이 진행된 환자 모두에서 골수종의 치료에 중요한 옵션으로 나타나고 있다.
- [0009] 현재 사용되는 치료법은 대부분 치료효과가 없다. 줄기 세포 이식은 많은 나이, 다른 심각한 병의 존재, 또는 다른 육체적 제한 때문에 많은 환자에서 옵션이 될 수 없다. 화학요법만이 부분적으로 다발성 골수종을 제어하지만, 화학요법은 극히 드물게만 완전 관해를 이끈다. 따라서, 새로운, 획기적인 치료제가 시급히 필요하다.
- [0010] Bellucci et al. (Blood, 2005; 105(10))은 공여자 림프구 주입술 (donor lymphocyte infusion; DLI)을 받은 후의, 다발성 골수종 환자에서 BCMA-특이적 항체를 동정하였다. 이 환자들의 혈청은 ADCC 및 CDC에 의한 BCMA-특이적 세포 용해를 매개할 수 있었고 이는 항-종양 반응이 있는 환자 (4/9)에서만 검출되었고, 비-반응 환자 (0/6)에서는 검출되지 않았다. 저자들은 BCMA 특이적 항체의 유도가 골수종 세포의 제거 및 환자의 장기간 관해를 일으키는 것으로 추측하였다.
- [0011] Ryan et al. (Mol. Cancer Ther. 2007; 6(11))은 정상 및 악성 B-세포에서 강한 생존성(pro-survival) 신호 경로와 관련된 NF-κB 활성화를 막는 길항적 BCMA-특이적 항체의 생성을 보고하였다. 또한, 인 비트로에서, 상기 항체는 Fc-엔지니어링에 의하여 상당히 향상된 다발성 골수종 세포주에 대한 강한 항체-의존성 세포-매개 세포 독성 (antibody-dependent cell-mediated cytotoxicity; ADCC)을 수여하였다.
- [0012] 혈액-유래 종양(blood-borne tumors) 또는 자가면역 질환과 싸우는 다른 접근법은 BAFF 및 APRIL 사이의 상호작용, 즉, TNF 리간드 슈퍼 패밀리의 리간드, 및 BAFF 및/또는 APRIL에 의하여 활성화된 그들의 수용체 TACI, BAFF-R 및 BCMA를 중점으로 한다. 예를 들어, 인간 면역글로불린의 Fc-도메인을 TACI 에 융합함에 의하여, Zymogenetics, Inc.는 아타시셉트(Atacicept; TACI-Ig)를 생성하여 이 리간드들을 모두 중화시키고 수용체의 활성화를 막았다. 아타시셉트는 현재 B-세포 악성 만성 림프구성 백혈병 (chronic lymphocytic leukaemia, CLL), 비-호지킨 림프종(non-Hodgkins lymphoma, NHL) 및 MM의 치료에 대한 I 상 임상 시험뿐 아니라, 전신성 홍반성 루푸스(systemic Lupus Erythematosus, SLE, III 상), 다발성 경화증(multiple sclerosis, MS, II 상) 및 류마티스 관절염(rheumatoid arthritis, RA, II 상)의 치료에 대한 임상 시험 중이다. 전임상 연구에서, 아타시셉트는 인 비트로 (Moreaux et al, Blood, 2004, 103) 및 인 비보에서 (Yaccoby et al, Leukemia, 2008, 22, 406-13)에서 일차 MM 세포 및 MM 세포주의 성장 및 생존을 감소시켰고, 이는 MM 세포에 대한 TACI 리간드의 관련성을 검증하는 것이다. 대부분의 MM 세포 및 유래 세포주는 BCMA 및 TACI를 발현하기 때문에, 양 수용체는 리간드-매개 성장 및 생존에 기여할 수도 있다. 이 데이터들은 BCMA 및 TACI 모두를 길항하는 것이 형질 세포 장애(plasma cell disorder)의 치료에 유용할 수도 있음을 제시한다. 또한, TACI와 교차 반응하는 BCMA-특이적

항체가 기술되어 있다 (WO 02/066516).

[0013] Human Genome Sciences 및 GlaxoSmithKline은 벨리무맙(Belimumab)이라고 불리는 BAFF를 표적화하는 항체를 개발하였다. 벨리무맙은 B 세포에서 가용성 BAFF가 그의 수용체 BAFF-R, BCMA 및 TACI에 결합하는 것을 차단한다. 벨리무맙은 B 세포에 직접적으로 결합하지는 않으나, BAFF에 결합함으로써, 벨리무맙은 자가반응성 B 세포를 포함한 B 세포의 생존을 억제하고 B 세포의 면역글로불린-생성 형질 세포로의 분화를 감소시킨다.

[0014] 그러나, 암 및/또는 자가면역 질환에 대한 싸움에서, BCMA; BAFF-R 및 TACI, 즉, TNF 수용체 수퍼 패밀리에 속하는 B 세포 수용체, 및 그들의 리간드 BAFF 및 APRIL가 치료법에 쓰인다는 사실에도 불구하고, 이와 같은 의학 적 상태를 치료하기 위한 가능한 다른 옵션의 필요성이 여전히 존재한다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0015] 따라서, 세포독성 세포, 즉, 세포독성 T 세포에 대한 하나의 결합 도메인 및 BCMA에 대한 두 번째 결합 도메인을 갖는 적어도 이중특이적인 결합 분자의 형성에서, 이 문제점을 해결하기 위한 수단 및 방법이 여기에 제공된다.

과제의 해결 수단

[0016] 따라서, 첫 번째 양태에서, 본 발명은 제1 및 제1 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자를 제공한다, 여기에서

[0017] (a) 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 3(CQLRCSSNTPLTCQRYC) (서열번호:1016)에 결합할 수 있고;

[0018] (b) 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있으며;

[0019] 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002로 표시되는 서열의 24 내지 41의 아미노산 잔기에 상응한다.

도면의 간단한 설명

[0020] 도 1:

인간 BCMA (전장 단백질의 1-54 아미노산 잔기) 및 무린 BCMA (전장 단백질의 1-49 아미노산 잔기)의 세포외 도메인(extracellular domain; ECD)의 서열 정렬. 에피토프 클러스터링을 위해 지정된 것으로서 하이라이트 표시된 부분은 키메릭 구조체에서 교환된 영역 (도메인 또는 아미노산 잔기)이다. 시스테인은 블랙 박스로 표시하였다. 이황화 결합을 나타내었다.

도 2:

BCMA 구조체의 에피토프 맵핑. 유세포 분석(flow cytometry)에 의하여, 인간 및 무린 BCMA (도 2a) 와 7 개의 키메릭 인간-무린 BCMA 구조체 (도 2b)가 CHO 세포의 표면에 발현됨을 보여준다. 단일클론 항-인간 BCMA 항체로 CHO 상의 인간 BCMA의 발현이 검출되었다. 단일클론 항-무린 BCMA-항체로 무린 BCMA 발현이 검출되었다. 피코에리트린과 컨쥬게이트된 항-맷트 IgG-Fc-감마-특이적 항체로 결합된 단일클론 항체가 검출되었다.

도 3:

키메릭 BCMA 구조체의 에피토프 맵핑에 의하여 검출된 것으로서, 에피토프 클러스터 E3에 특이적으로 결합 분자들의 예들 (실시예 3 참조).

도 4:

Biacore 시스템을 이용하여, 인간 및 마카크 BCMA에 이중특이적으로 결합 분자 (항 BCMA x 항 CD3)의 결합 상수

의 결정. CM5 칩 상에서, 항원을 낮은 밀도 내지 중간 밀도 (100 RU)로 고정시켰다. 칩 표면에 결합체의 희석액을 부유시켰고 BiaEval Software를 이용하여 결합 여부를 결정하였다. 각각의 결합체의 해리속도(off-rates) 및 결합 상수 (KD) 각각을 매 그래프의 아래에 표기하였다.

도 5:

18-시간 ⁵¹크로뮴 방출 어세이로 측정된 BCMA 이중특이적 항체들의 세포독성 활성. 효과기 세포(effector cells): 자극된 강화된(enriched) 인간 CD8 T 세포. 표적 세포: 인간 BCMA으로 형질감염된 CHO 세포 (왼쪽 도면) 및 마카크 BCMA으로 형질감염된 CHO 세포 (오른쪽 도면). 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율: 10:1.

도 6:

Biacore 시스템을 이용하여, 인간 및 마카크 BCMA, 및 인간 및 마카크 CD3 상의 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 결합 상수의 결정. CM5 칩 상에서, 항원을 낮은 밀도 내지 중간 밀도 (100-200 RU)로 고정시켰다. 칩 표면에 결합체의 희석액을 부유시키고 BiaEval Software를 이용하여 결합 여부를 결정하였다. 각각의 이중특이적 항체의 결합속도(on-rate) 및 해리속도(off-rate) 및 그 결과로 얻은 결합 상수 (KD) 각각을 매 그래프의 아래에 표기하였다.

도 7:

지정된 세포주 상의 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 FACS 분석: 1) 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포, 2) 인간 CD3 양성 인간 T 세포주 HBP-모든, 3) 마카크 BCMA 형질감염된 CHO 세포, 4) 마카크 T 세포주 4119 LnPx, 5) BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 및 6) 비형질감염된 CHO 세포. 음성 대조군 [1) to 6)]: BCMA/CD3 이중특이적 항체의 전처리 없이 항체 검출.

도 8:

BCMA-를 발현하는 세포 상에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 Scatchard 분석. 포화될 때까지 모노머 항체의 농도를 증가하여 세포를 인큐베이션하였다. 유세포 분석으로 항체를 검출하였다. 삼중(triplicate) 측정값을 쌍곡선(hyperbolic curves) 및 시그모이드 곡선(sigmoid curves)으로 그려 사용된 유효 농도 범위를 나타내었다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합을 결정하고 각각의 KD 값을 계산하였다.

도 9:

인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 18-시간 ⁵¹-크로뮴 방출 어세이로 측정한, 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 자극된 강화된(enriched) 인간 CD8 T 세포. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율: 10:1.

도 10:

48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정한 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 비자극된 인간 PBMC. 표적 세포: 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T)-비율: 10:1.

도 11:

BAFF-R 및 TACI로 형질감염된 CHO 세포에서 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 FACS 분석. 세포주: 1) 인간 BAFF-R로 형질감염된 CHO 세포, 2) 인간 TACI로 형질감염된 CHO 세포 3) 다발성 골수종 세포주 L363; 음성 대조군: BCMA/CD3 이중특이적 항체의 전처리 없이 항체 검출. 양성 대조군: BAFF-R 검출: 항-염소 항체-PE (Jackson 705-116-147; 1:50) TACI-검출에 의해 검출된 염소 항 hu BAFF-R (R&D AF1162; 1:20): 염소 항 토끼-항체 PE (Sigma P9757; 1:20)에 의해 검출된 토끼 항 TACI 항체 (abcam AB 79023; 1:100).

도 12:

18-시간 ⁵¹-크로뮴 방출 어세이에서 측정한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 자극된 강화된(enriched) 인간 CD8 T 세포. 표적 세포: BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (즉, 내츄럴 발현자(natural expresser)). 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율: 10:1.

도 13:

48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 비자

극된 인간 PBMC. 표적 세포: 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (내츨 BCMA 발현자). 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T)-비율: 10:1.

도 14:

48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 비자 극된 인간 PBMC. 표적 세포: BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T)-비율: 10:1.

도 15:

48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 마카 크 T 세포주 4119LnPx. 표적 세포: 마카크 BCMA로 형질감염된 CHO 세포. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율: 10:1.

도 16:

진행중인(advanced-stage) NCI-H929 이중이식 모델에서 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 항-종양 활성 (실시예 16 참조).

도 17:

표적 세포로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, L-363 및 OPM-2; 및 효과기 세포로서 인간 PBMC를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이(48h; E:T = 10:1). 도면은 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도 증가에 따른 IL-2, IL-6, IL-10, TNF 및 IFN-감마에 대하여 검출한 사이토카인의 수준[pg/ml] 을 나타낸다 (실시예 22 참조).

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0021] 여기에서 사용된 것으로 단수 형태 "어(a)", "언(an)", 및 "더(the)"는 문맥상 명백히 다른 의미를 나타내지 않는 한 복수 형태를 포함함을 주지해야 한다. 따라서, 예를 들어, "시약(a reagent)"은 하나 또는 그 이상의 다른 시약을 포함하고, "그 방법(the method)"은 여기에서 기술된 그 방법으로부터 변형 또는 치환될 수 있는 것으로 업계에서 통상의 기술자에게 알려진 동등한 단계 및 방법을 포함한다.
- [0022] 다른 표기가 없는 한, 일련의 요소들의 앞에 오는 용어 "적어도(at least)"는 시리즈의 매 요소를 지칭하는 것으로 이해된다. 당업자는 더 이상의 통상적 실험을 하지 않고도 여기에서 기술된 본 발명의 구체예에 대한 많은 균등물들을 인지하거나 알아낼 수 있을 것이다. 이와 같은 균등물들은 본 발명에 포함되는 것으로 의도된다.
- [0023] 용어 "및/또는(and/or)"는 어디에서 사용되는지에 관계없이 "및(and)", "또는(or)" 및 "상기 용어에 연결되는 모든 요소 또는 요소들의 다른 어떤 조합"의 의미를 포함한다.
- [0024] 여기에서 사용된 것으로 용어 "약" 또는 "대략"은 주어진 값 또는 범위의 $\pm 20\%$ 이내, 바람직하게는 $\pm 15\%$ 이내, 더욱 바람직하게는 $\pm 10\%$ 이내, 및 가장 바람직하게는 $\pm 5\%$ 이내를 의미한다.
- [0025] 본 명세서 및 다음에 나오는 청구항들을 통해서, 문맥상 달리 요구되지 않는 한, 단어 "포함하다(comprise)" 및 "포함하다(comprises)" 및 "포함하는(comprising)"과 같은 변형들은, 정해진 수(integer) 또는 단계 또는 수 또는 단계들의 그룹을 포함하되, 다른 어떤 수 또는 단계 또는 수 또는 단계들의 그룹을 배제하지 않음을 암시하는 것으로 이해될 것이다. 여기에서 용어 "포함하는(comprising)"이 사용되는 경우, 용어 "함유하는(containing)" 또는 "포함하는(including)" 또는 때때로 여기에서 사용되는 용어 "가지는(having)"으로 대체될 수 있다.
- [0026] 여기에서 사용되는 "이루어진(consisting of)"은 청구항의 요소로 명시되지 않은 임의의 요소, 단계, 또는 성분

을 배제한다. 여기에서 사용되는, "필수적으로 이루어진(consisting essentially of)"은 청구항의 기본적이고 신규한 특성에 실질적으로 영향을 주지 않는 물질 또는 단계를 배제하지 않는다.

[0027] 각 경우에서 "포함하는", "필수적으로 이루어진(consisting essentially of)" 및 "이루어진(consisting of)" 중 어느 용어는 다른 두 용어로 대체될 수도 있다.

[0028] ***

[0029] 에피토프 클러스터 3은 BCMA의 세포외 도메인에 포함된다. "BCMA 세포외 도메인" 또는 "BCMA ECD"는 본질적으로 BCMA의 막관통 및 세포질 도메인이 없는 BCMA의 형태이다. 통상의 기술자는 본 발명의 BCMA 폴리펩티드에 대하여 확인된 막관통 도메인이 소수성 도메인의 종류를 확인하기 위하여 업계에서 쓰이는 통상적인 기준에 따라 확인되었음을 이해할 것이다. 막관통 도메인의 정확한 경계는 다를 수도 있으나, 여기에서 구체적으로 언급된 도메인 말단의 약 5개 아미노산 이하로 차이가 있고, 대부분 유사하다. 바람직한 BCMA ECD는 서열번호: 1007에서 보여준다.

[0030] T 세포 CD3 수용체 복합체는 단백질 복합체이고 네 개의 별개의 사슬로 구성된다. 포유류에서, 상기 복합체는 CD3 γ 사슬, CD3 δ 사슬, 및 두 개의 CD3 ϵ (엡실론) 사슬을 함유한다. 이 사슬들은 T 림프구에서 활성화 신호를 생성하는 T 세포 수용체 (TCR) 및 ζ 사슬로 알려진 분자와 관련된다.

[0031] 이중특이적 분자에 의한 T 세포의 모집(recruitment)을 통한 표적 세포의 리다이렉션된(redirected) 용해는 세포용해(cytolytic) 시냅스 형성 및 퍼포린 및 그랜자임(granzymes)의 운반과 연관된다. 관계된 T 세포는 연속적으로 표적 세포를 용해할 수 있고 펩티드 항원 처리 및 제시, 또는 클로날 T 세포 분화를 간섭하는 면역 회피 메커니즘에 영향을 받지 않는다; 예를 들어, WO 2007/042261 참조.

[0032] 본 명세서 상에서 용어 "결합 분자(binding molecule)"는 표적 분자 BCMA 및 CD3를 인지하거나 그들과 상호작용하여 (특이적으로) 결합할 수 있는 임의의 분자를 가리킨다. 본 발명에 따른, 결합 분자는 바람직하게는 폴리펩티드이다. 이와 같은 폴리펩티드는 단백질 부분(proteinaceous parts) 및 비-단백질 부분(non-proteinaceous parts) (예컨대, 글루타르알데히드와 같은 화학적 가교제 또는 화학적 링커)을 포함할 수도 있다.

[0033] 이를 테면, 결합 분자는 상기 하나 또는 그 이상의 결합 도메인을 위한 스캐폴드를 제공하여 표적 분자 BCMA 및 CD3와 상기 결합 도메인이 결합/상호작용할 수 있도록 한다. 예를 들어, 이와 같은 스캐폴드는 단백질 A, 특히, 그들의 Z-도메인 (어피바디; affibodies), ImmE7 (면역 단백질), BPTI/APPI (Kunitz 도메인), Ras-결합 단백질 AF-6 (PDZ-도메인), 카리브독신 (전갈 독소), CTLA-4, Min-23 (knottins), 리포칼린(안티칼린), 네오카르지노스타틴(neokarzinostatin), 피브로넥틴 도메인, 안키린 공통 반복 도메인 또는 티오레독신(thioredoxin)에 의해 제공될 수 있다 (Skerra, Curr. Opin. Biotechnol. 18, 295-304 (2005); Hosse et al., Protein Sci. 15, 14-27 (2006); Nicaise et al., 단백질 Sci. 13, 1882-1891 (2004); Nygren and Uhlen, Curr. Opin. Struc. Biol. 7, 463-469 (1997)). 바람직한 결합 분자는 항체이다.

[0034] 기존의 (단일클론) 항체로부터의 CDR 서열을 스캐폴드, 예를 들어, 여기에 개시된 스캐폴드로 그래프팅하기 보다는 파지-디스플레이 또는 라이브러리 스크리닝법에 의하여 상기 결합 분자를 생산 (또는 얻을 수 있는) 것이 고려된다.

[0035] 여기에서 사용된 것으로 용어 "이중특이적(bispecific)"은 적어도 첫 번째 및 두 번째 결합 도메인을 포함하는 결합 분자를 말하는 것으로, 여기에서 상기 첫 번째 결합 도메인은 하나의 항원 또는 표적에 결합할 수 있으며, 상기 두 번째 결합 도메인은 또다른 항원 또는 표적에 결합할 수 있다. 본 발명의 "결합 분자"는 또한 예컨대, 세 개의 결합 도메인을 포함하는, 삼중 특이적(trispecific) 결합 분자와 같은 다중특이적(multispecific) 결합 분자를 포함한다.

- [0036] 본 발명의 결합 분자는, 또한 표적 분자 BCMA 및 CD3에 결합하는 기능에 더하여, 추가의 기능을 갖는 것으로 고려된다. 이 형태에서, 결합 분자는 BCMA에 결합하는 것을 통하여 형질 세포를 표적하고, CD3에 결합하는 것을 통하여 세포독성 T 세포 활성을 매개하며, NK 세포와 같은 효과기 세포의 동원을 통한 완전 기능성(fully functional) Fc 불변 도메인 매개 항체-의존성 세포의 세포독성 표지 (형광 등), 예를 들어 독소 또는 방사성 핵종(radionuclide)과 같은 치료제, 및/또는 혈청 반-감기를 향상시키는 수단 등과 같은 추가 기능을 제공하는 삼중- 또는 다중기능성(multifunctional) 결합 분자이다.
- [0037] 본 발명과 관련되어, 용어 "결합 도메인(binding domain)"은 표적 분자 BCMA 및 CD3에서 주어진 표적 에피토프 또는 주어진 표적 부위에(와) 특이적으로 결합/상호작용하는 도메인임을 특징으로 한다.
- [0038] 결합 도메인은 예를 들어 항체, 단백질 A, ImmE7 (면역 단백질), BPTI/APPI (Kunitz 도메인), Ras-결합 단백질 AF-6 (PDZ-도메인), 카리브도독신(charybdotoxin) (Scorpion toxin), CTLA-4, Min-23 (knottins), 리포칼린(lipocalins) (anticalins), 네오크아르지노스타틴(neokarzinostatin), 피브로넥틴 도메인, 안키린 공통 반복 도메인(ankyrin consensus repeat domain) 또는 티오레독신(thioredoxin)과 같은 결합 도메인 공여자로부터 유래될 수 있다(Skerra, Curr. Opin. Biotechnol. 18, 295-304 (2005); Hosse et al., Protein Sci. 15, 14-27 (2006); Nicaise et al., 단백질 Sci. 13, 1882-1891 (2004); Nygren and Uhlen, Curr. Opin. Struc. Biol. 7, 463-469 (1997)). 바람직한 결합 도메인은 항체로부터 유래된다. 본 발명의 결합 도메인은 표적 분자 BCMA 및 CD3상의 주어진 표적 에피토프 또는 주어진 표적 부위에(와) 결합/상호작용하는데 필요한 앞서 언급한 결합 도메인 중 적어도 일부를 포함하는 것으로 고려된다.
- [0039] 앞서 언급한 결합 도메인 공여자의 결합 도메인은 각각의 표적에의 결합에 중요한 이들 공여자의 부분을 특징으로 함, 즉, 결합 도메인 공여자로부터 그 부분이 제거되면, 상기 공여자의 결합 능력이 소실됨이 고려된다. "소실하다(loses)"는 결합 공여자와 비교하였을 때 적어도 50%의 결합력 감소를 의미한다. 이 결합하는 부위들을 맵핑하는 방법은 당업계에 잘 알려져 있다. 따라서 결합 도메인 공여자의 결합 부위의 위치를 찾고/맵핑하고, 그에 따라, 각각의 결합 도메인 공여자로부터 상기 결합 도메인을 "끌어내는(derive)" 것은 통상의 기술자의 표준 지식 범위 내이다.
- [0040] 용어 "에피토프(epitope)"는, 항체 또는 면역글로불린 또는 유도체 또는 항체 또는 면역글로불린의 단편 등과 같은, 결합 도메인이 특이적으로 결합하는 항원의 부위이다. "에피토프"는 항원성이고 따라서 용어 에피토프는 때때로 또한 "항원성 구조(antigenic structure)" 또는 "항원성 결정기(antigenic determinant)"라고도 한다. 따라서, 결합 도메인은 "항원-상호작용-부위(antigen-interaction-site)"이다. 상기 결합/상호작용은 또한 "특이적 인지(specific recognition)"를 정의하는 것으로 이해된다. 한 구체예에서, 표적 분자 BCMA 및 CD3의 주어진 표적 에피토프 또는 주어진 표적 부위에(와) (특이적으로) 결합/상호작용하는 상기 결합 도메인은 항체 또는 면역글로불린이고, 상기 결합 도메인은 항체 또는 면역글로불린의 VH 및/또는 VL 영역이다.
- [0041] "에피토프들(epitopes)"은 인접 아미노산 또는 단백질의 3차 접힘에 의하여 나란히 놓이는 비-인접 아미노산에 의하여 형성될 수 있다. "선형 에피토프(linear epitope)"는 아미노산 1차 서열이 인지되는 에피토프를 포함하는 에피토프이다. 선형 에피토프는 특유의 서열에서 전형적으로 적어도 3 또는 적어도 4, 및 더욱 일반적으로는, 적어도 5 또는 적어도 6 또는 적어도 7, 예를 들어, 약 8 내지 약 10 개의 아미노산을 포함한다.
- [0042] "입체적 에피토프(conformational epitope)"는, 선형 에피토프와 달리, 인지되는 에피토프의 구성 성분으로 정의되는 에피토프를 포함하는 아미노산의 1차 서열이 단 하나가 아닌 (예를 들어, 결합 도메인에 의하여 아미노산의 1차 서열이 본질적으로 인지되지 않는 에피토프) 에피토프이다. 전형적으로 입체적 에피토프는 선형 에피토프와 비교하여 증가된 수의 아미노산을 포함한다. 입체적 에피토프의 인지와 관련하여, 결합 도메인은 항원의 3-차원 구조, 바람직하게는 펩티드 또는 단백질 또는 그의 단편 (본 발명의 문맥에서, 하나의 결합 도메인에 대한 항원은 BCMA 단백질 내에 포함된다)을 인지한다. 예를 들어, 단백질 분자가 접혀서 3-차원 구조를 형성하면, 입체적 에피토프를 형성하는 특정 아미노산 및/또는 폴리펩티드 백본(backbone)은 항체가 에피토프를 인지할 수 있도록 나란히 위치하게 된다. 에피토프의 입체 형태를 결정하는 방법은 x-ray crystallography, 2-차원 핵 자기공명(two-dimensional nuclear magnetic resonance, 2D-NMR) 분광 및 위치-지향 스핀 라벨링(site-directed spin labelling) 및 전자 상자성 공명(electron paramagnetic resonance, EPR) 분광을 포함하나, 이에 제한되

는 것은 아니다. 또한, 제공되는 실시예들은 주어진 결합 도메인이 주어진 단백질, 특히 BCMA의 하나 또는 그 이상의 에피토프 클러스터(들)에 결합하는지 여부를 시험하는 추가의 방법을 기술한다.

[0043] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA ECD의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있다. 따라서, 인간 BCMA 단백질에서, 각각의 에피토프 클러스터가 뮤린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체되는 경우 (결과적으로, 인간 BCMA를 포함하는 구조체에서, 인간 에피토프 클러스터 3이 뮤린 에피토프 클러스터 3으로 교체된다; 서열번호: 1011 참조), 결합 도메인에서 결합의 감소가 일어날 것이다. 상기 감소는 인간 BCMA 단백질의 각각의 에피토프 클러스터에 대한 결합을 100%로 설정할 때, 인간 BCMA 단백질의 각각의 에피토프 클러스터와 비교하여, 바람직하게는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%; 더욱 바람직하게는 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 특히 100%이다. 위에서 기술한 인간 BCMA/뮤린 BCMA 키메라는 CHO 세포에서 발현되는 것으로 생각된다. 또한 envisaged that the 인간 BCMA/뮤린 BCMA 키메라는 EpCAM과 같은 다른 멤브레인-결합된 단백질의 막관통 도메인 및/또는 세포질 도메인과 융합되는 것으로 생각된다; 도 2a 참조.

[0044] 비-인간 (예를 들어, 뮤린) BCMA 항원의 에피토프 클러스터 각각의 교체에 기인한 이 결합의 소실을 시험하는 방법은 첨부하는 실시예, 특히 실시예 1-3에서 기술된다. 주어진 결합 분자 또는 결합 도메인에 의한 인지에 대한 표적 항원의 구체적인 잔기의 기여를 결정하는 다른 방법은 알라닌 스캐닝(alanine scanning) (예를 들어, Morrison KL & Weiss GA. Cur Opin Chem Biol. 2001 Jun;5(3):302-7 참조)이고, 여기에서 분석될 각 잔기는 예를 들어, 위치-지정 돌연변이유발을 통하여 알라닌으로 교체된다. 알라닌은 다른 많은 아미노산이 가지고 있는 2차 구조의 유사성에도 불구하고 그의 크기가 크지 않고 (non-bulky), 화학적으로 비활성인, 메틸 기능기 때문에 사용된다. 때로 변이된 잔기의 크기의 보존이 필요한 경우 발린 또는 류신과 같은 크기가 큰(bulky) 아미노산이 사용될 수 있다. 알라닌 스캐닝(alanine scanning)은 오랜 기간 동안 사용되어 온 성숙한 기술이다.

[0045] 여기에서 사용된 것으로, 용어 "에피토프 클러스터(epitope cluster)"는 항원의 정의된 인접 구간(contiguous stretch) 내에 놓인 에피토프 전체를 지칭한다. 에피토프 클러스터는 하나, 둘 또는 그 이상의 에피토프를 포함할 수 있다. BCMA의 세포외 도메인에서 - 본 발명의 문맥에서 - 정의된 에피토프 클러스터는 위에서 기술되고 도 1에 도시된다.

[0046] 본 발명과 부합되는 용어 "에 결합하는(할 수 있는)", "특이적으로 인지하는(specifically recognizing)", "로 향하는(directed to)" 및 "와 반응하는"은 결합 도메인이 에피토프의 하나 또는 그 이상, 바람직하게는 적어도 두 개, 더욱 바람직하게는 적어도 세 개 및 가장 바람직하게는 적어도 네 개의 아미노산과 특이적으로 반응할 수 있음을 의미한다.

[0047] 여기에서 사용된 것으로, 용어 "특이적으로 상호작용하는", "특이적으로 결합하는" 또는 "특이적인 결합(들)"은 결합 도메인이 특정 단백질 또는 항원에 뚜렷한 친화성을 보이고, 일반적으로, BCMA 또는 CD3외의 단백질 또는 항원과 유의한 반응성을 나타내지 않음을 의미한다. "뚜렷한 친화성"은 약 10^{-6} M (KD) 또는 그보다 강한 친화성으로 결합하는 것을 포함한다. 바람직하게는, 결합 친화성이 약 10^{-12} 내지 10^{-8} M, 10^{-12} 내지 10^{-9} M, 10^{-12} 내지 10^{-10} M, 10^{-11} 내지 10^{-8} M, 바람직하게는 약 10^{-11} 내지 10^{-9} M인 경우 결합이 특이적인 것으로 여겨진다. 결합 도메인이 표적과(에) 특이적으로 반응하거나 결합하는지는 쉽게 시험될 수 있고, 그 중에서도(*inter alia*), 상기 결합 도메인의 표적 단백질 또는 항원과의 반응을 상기 결합 도메인의 BCMA 또는 CD3 이외의 다른 단백질 또는 항원과의 반응과 비교함으로써 시험될 수 있다. 바람직하게는, 본 발명의 결합 도메인은 BCMA 또는 CD3외의 단백질 또는 항원과 본질적으로 결합하지 않거나 결합할 수 없다 (즉, 제1 결합 도메인은 BCMA외의 다른 단백질에 결합할 수 없고 제2 결합 도메인은 CD3외의 다른 단백질에 결합할 수 없다).

[0048] 용어 "본질적으로 결합하지 않는다", 또는 "결합할 수 없다"는 본 발명의 결합 도메인이 BCMA 또는 CD3 이외의 다른 단백질 또는 항원에 결합하지 않음을, 즉, BCMA 또는 CD3 각각에 결합하는 것을 100%로 예정할 때 BCMA 또는 CD3 이외의 다른 단백질 또는 항원과 30% 초과, 바람직하게는 20% 초과, 더욱 바람직하게는 10% 초과, 특히 바람직하게는 9%, 8%, 7%, 6% 또는 5% 초과, 반응성을 보이지 않는 것을 의미한다.

- [0049] 특이적 결합은 결합 도메인 및 항원의 아미노산 서열의 특이적 모티프에 의하여 영향을 받는 것으로 여겨진다. 따라서, 결합은 그들의 1차, 2차 및/또는 3차 구조의 결과 및 상기 구조들의 2차 변형으로서 달성된다. 항원-상호작용-부위의 그의 특이적 항원과의 특이적 상호작용은 항원에 대한 상기 부위의 간단한 결합 때문일 수도 있다. 또한, 항원-상호작용-부위의 그의 특이적 항원과의 특이적 상호작용은 대신하여 또는 부가적으로, 예를 들어, 항원의 입체 형태의 변화의 유도에 기인하는 신호의 시작, 항원의 올리고머화, 등으로 인한 것일 수도 있다.
- [0050] 한 관점에서, 본 발명의 첫 번째 결합 도메인은 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합하고 이에 더하여 뱀굴 원숭이(*Macaca mulatta*, 서열번호: 1017) 또는 필리핀 원숭이(*Macaca fascicularis*, 서열번호:1017)으로부터의 BCMA와 같은 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있다. 첫 번째 결합 도메인은 무린 BCMA에 결합하거나 결합하지 않는 것으로 생각된다.
- [0051] 따라서, 한 구체예에서, 인간 BCMA, 특히 서열번호: 1002로 표시되는 인간 서열의 24 내지 41 아미노산 잔기에 의해 형성되는 BCMA의 세포외 단백질 도메인의 에피토프 클러스터 3에 결합하는 결합 도메인은, 또한 마카크 BCMA, 특히 서열번호: 1006으로 표시되는 마카크 BCMA 서열의 24 내지 41 아미노산 잔기에 의해 형성되는 BCMA의 세포외 단백질 도메인의 에피토프 클러스터 3에 결합한다.
- [0052] 한 구체예에서, 결합 분자의 첫 번째 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있고, 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002 (인간 BCMA 전장 폴리펩티드) 또는 서열번호: 1007 (인간 BCMA 세포외 도메인: 서열번호: 1002의 1-54 아미노산)로 표시되는 서열의 24 내지 41 아미노산 잔기에 상응한다.
- [0053] 본 발명의 한 관점에서, 결합 분자의 첫 번째 결합 도메인은 부가적으로 또는 대신하여 비단 마모셋(*Callithrix jacchus*), 목화머리 타마린(*Saguinus oedipus*) 및/또는 다람쥐 원숭이(*Saimiri sciureus*) BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있다.
- [0054] 단백질 (보통 30개 미만의 아미노산을 가지는 그의 단편, 바람직하게는 생물학적 활성 단편, 및 펩티드를 포함하는)은 공유 펩티드 결합을 통하여 서로 결합된 하나 또는 그 이상의 아미노산 (아미노산의 사슬이 되는)을 포함한다. 여기에서 사용된 것으로 용어 "폴리펩티드(polypeptide)"는 30개 초과 아미노산으로 이루어진 분자의 그룹을 의미한다. 폴리펩티드는 추가로 다이머, 트리머 및 고차원의 올리고머와 같은, 즉, 하나 초과 아미노산의 폴리펩티드 분자로 이루어진 멀티머를 형성할 수도 있다. 다이머, 트리머 등을 형성하는 폴리펩티드 분자는 동일할 수도 있고 동일하지 않을 수도 있다. 멀티머와 같은 고차원 구조에 해당하는 것은, 따라서, 호모- 또는 헤테로다이머, 호모- 또는 헤테로트리머 등으로 칭한다. 헤테로멀티머의 예는, 자연적으로 일어나는 형태에서, 두 개의 동일한 폴리펩티드 경쇄 및 두 개의 동일한 폴리펩티드 중쇄로 이루어진 항체 분자이다. 용어 "폴리펩티드" 및 "단백질"은 또한 자연적으로 변형된 폴리펩티드/단백질이고, 상기 변형은 예를 들어, 글리코실화, 아세틸화, 인산화 등과 같은 번역-후 변형(post-translational modification)에 의하여 영향을 받는다. "폴리펩티드"가 여기에서 사용되는 경우 또한 폐질화와 같이 화학적으로 변형될 수도 있다. 이와 같은 변형은 업계에 잘 알려져 있다.
- [0055] 본 발명의 또 다른 양태에서, 제2 결합 도메인은 CD3 엡실론에 결합할 수 있다. 본 발명의 또 다른 양태에서, 제2 결합 도메인은 인간 CD3 및 마카크 CD3, 바람직하게는 인간 CD3 엡실론 및 마카크 CD3 엡실론에 결합할 수 있다. 추가로 또는 대신에, 제2 결합 도메인은 비단 마모셋(*Callithrix jacchus*), 목화머리 타마린(*Saguinus oedipus*) 및/또는 다람쥐 원숭이(*Saimiri sciureus*) CD3 엡실론에 결합할 수 있다. 이들 구체예에 따르면, 본 발명의 결합 분자의 하나 또는 모두의 결합 도메인은 영장류의 포유동물목의 일원에 대해 바람직하게는 종간 특이적(cross-species specific)이다. 종간 특이적인 CD3 결합 도메인은, 예를 들어, WO 2008/119567에 기재되어 있다.

- [0056] T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인이 다음으로부터 선택되는 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 본 발명의 결합 분자가 특히 바람직하다:
- [0057] (a) WO 2008/119567의 서열번호: 27로 나타낸 CDR-L1, WO 2008/119567의 서열번호: 28로 나타낸 CDR-L2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 29로 나타낸 CDR-L3;
- [0058] (b) WO 2008/119567의 서열번호: 117로 나타낸 CDR-L1, WO 2008/119567의 서열번호: 118로 나타낸 CDR-L2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 119로 나타낸 CDR-L3; 및
- [0059] (c) WO 2008/119567의 서열번호: 153로 나타낸 CDR-L1, WO 2008/119567의 서열번호: 154로 나타낸 CDR-L2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 155로 나타낸 CDR-L3.
- [0060] 본 발명의 결합 분자의 대신할 수 있는 바람직한 구체예에서, T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인은 다음으로부터 선택되는 CDR-H 1, CDR-H2 및 CDR-H3을 포함하는 VH 영역을 포함한다:
- [0061] (a) WO 2008/119567의 서열번호: 12로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 13으로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 14로 나타낸 CDR-H3;
- [0062] (b) WO 2008/119567의 서열번호: 30로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 31로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 32로 나타낸 CDR-H3;
- [0063] (c) WO 2008/119567의 서열번호: 48로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 49로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 50으로 나타낸 CDR-H3;
- [0064] (d) WO 2008/119567의 서열번호: 66로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 67로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 68로 나타낸 CDR-H3;
- [0065] (e) WO 2008/119567의 서열번호: 84로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 85로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 86으로 나타낸 CDR-H3;
- [0066] (f) WO 2008/119567의 서열번호: 102로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 103으로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 104로 나타낸 CDR-H3;
- [0067] (g) WO 2008/119567의 서열번호: 120으로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 121로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 122로 나타낸 CDR-H3;
- [0068] (h) WO 2008/119567의 서열번호: 138로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 139로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 140으로 나타낸 CDR-H3;
- [0069] (i) WO 2008/119567의 서열번호: 156로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 157로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 158로 나타낸 CDR-H3; 및
- [0070] (j) WO 2008/119567의 서열번호: 174로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 175로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 176으로 나타낸 CDR-H3.
- [0071] 본 발명의 결합 분자에 대해 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인이 WO 2008/119567의 서열번호: 35, 39, 125, 129, 161 또는 165로 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것이 추가로 바람직하다.
- [0072] T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인이 WO 2008/119567의 서열번호: 15, 19, 33, 37, 51, 55, 69, 73, 87, 91, 105, 109, 123, 127, 141, 145, 159, 163, 177 또는 181로 나타낸 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것이 대체적으로 바람직하다.

- [0073] 보다 바람직하게는, 본 발명의 결합 분자는 하기 군으로부터 선택되는 VL 영역 및 VH 영역을 포함하는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인에 의해 특징지워진다:
- [0074] (a) WO 2008/119567의 서열번호: 17 또는 21에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 15 또는 19로 나타낸 VH 영역;
- [0075] (b) WO 2008/119567의 서열번호: 35 또는 39에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 33 또는 37로 나타낸 VH 영역;
- [0076] (c) WO 2008/119567의 서열번호: 53 또는 57에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 51 또는 55로 나타낸 VH 영역;
- [0077] (d) WO 2008/119567의 서열번호: 71 또는 75에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 69 또는 73로 나타낸 VH 영역;
- [0078] (e) WO 2008/119567의 서열번호: 89 또는 93에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 87 또는 91로 나타낸 VH 영역;
- [0079] (f) WO 2008/119567의 서열번호: 107 또는 111에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 105 또는 109로 나타낸 VH 영역;
- [0080] (g) WO 2008/119567의 서열번호: 125 또는 129에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 123 또는 127로 나타낸 VH 영역;
- [0081] (h) WO 2008/119567의 서열번호: 143 또는 147에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 141 또는 145로 나타낸 VH 영역;
- [0082] (i) WO 2008/119567의 서열번호: 161 또는 165에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 159 또는 163로 나타낸 VH 영역; 및
- [0083] (j) WO 2008/119567의 서열번호: 179 또는 183에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 177 또는 181로 나타낸 VH 영역.
- [0084] 본 발명의 결합 분자의 바람직한 구체예에 따르면, 특히 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인, VH-영역 및 VL-영역의 쌍들이 단일 쇠 항체 (scFv)의 형태이다. 상기 VH 및 VL 영역은 VH-VL 또는 VL-VH의 순으로 배열된다. VH-영역이 링커 서열에 대해 N-말단에 위치하는 것이 바람직하다. VL-영역은 링커서열의 C-말단에 위치한다.
- [0085] 상기 기술된 본 발명의 결합 분자의 바람직한 구체예는 WO 2008/119567의 서열번호: 23, 25, 41, 43, 59, 61, 77, 79, 95, 97, 113, 115, 131, 133, 149, 151, 167, 169, 185 또는 187로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인에 특징이 있다.
- [0086] 인간 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는 ≤ 15 nM, 보다 바람직하게는 ≤ 10 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 5 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 1 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 0.5 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 0.1 nM, 그리고 가장 바람직하게는 ≤ 0.05 nM이다. 마카크 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는 ≤ 15 nM, 보다 바람직하게는 ≤ 10 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 5 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 1 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 0.5 nM, 보다 더 바람직하게는 ≤ 0.1 nM, 그리고 가장 바람직하게는 ≤ 0.05 nM 또는 심지어 ≤ 0.01 nM이다. 친화력은 예컨대, 실시예에 기술된 바와 같이, 예를 들어 Biacore 어세이 또는 Scatchard 어세이로 측정될 수 있다. 마카크 BCMA 대 인간 BCMA에의 결합에 대한 친화력의 차이는 바람직하게는 [1:10-1:5] 또는 [5:1-10:1], 보다 바람직하게는 [1:5-5:1], 그리고 가장 바람직하게는 [1:2-3:1] 또는 심지어 [1:1-3:1]이다. 친화력을 결정하는 다른 방법은 당업자에게 잘 알려져 있다.
- [0087] BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자에 의하여 매개되는 세포독성은 다양한 방법으로 측정될 수 있다. 효과기 세포는 예를 들어, 자극된 강화된 (인간) CD8 양성 T 세포 또는 비자극된 (인간) 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)일 수

있다. 표적 세포가 마카크 기원이거나 또는 마카크 BCMA를 발현하거나 BCMA로 형질감염된 경우, 효과기 세포 또한 마카크 T세포주, 예를 들어, 4119LnPx와 같은 마카크 기원이거나 한다. 표적 세포는 BCMA(적어도 그의 세포 외 도메인), 예를 들어, 인간 또는 마카크 BCMA를 발현하여야 한다. 표적 세포는 안정적으로 또는 일시적으로 BCMA로 형질감염된 세포주 (CHO와 같은), 예를 들어, 인간 또는 마카크 BCMA일 수 있다. 이에 대신하여, 표적 세포는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 또는 NCI-H929와 같은 BCMA 양성 내츄럴 발현자 세포주일 수 있다. 보통 EC50-값은 세포 표면에서 더 높은 수준으로 BCMA를 발현하는 표적 세포주보다 낮을 것으로 예측된다. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율은 보통 약 10:1이나, 또한 다양할 수 있다. BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 세포독성 활성은 51-크로뎀 방출 어세이 (약 18 시간의 인큐베이션 시간) 또는 FACS-기반 세포독성 어세이 (약 48 시간의 인큐베이션 시간)에서 측정될 수 있다. 어세이 인큐베이션 시간 (세포독성 반응)의 변경 또한 가능하다. 세포독성을 측정하는 다른 방법은 통상의 기술자에게 잘 알려져 있고 MTT 또는 MTS 어세이, 생물발광 어세이를 포함하는 ATP-기반 어세이, 술포로다민 B(sulforhodamine B, SRB) 어세이, WST 어세이, 클론원성(clonogenic) 어세이 및 ECIS 기술을 포함한다.

[0088] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자에 의하여 매개되는 세포독성 활성은 바람직하게는 세포-기반 세포독성 어세이에서 측정된다. 세포독성 활성은 최대 유효 농도의 절반값에 해당하는 EC₅₀ 값에 의해 표현된다 (최저 및 최대 사이의 중간의 세포독성 반응을 유도하는 결합 분자의 농도). 바람직하게는, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC₅₀ 값은 ≤20,000 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤5000 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤1000 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤500 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤350 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤10 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤5 pg/ml이다.

[0089] 위에서 주어진 어느 EC₅₀ 값은 세포-기반 세포독성 어세이의 지정된 시나리오의 어느 하나와 조합될 수 있다. 예를 들어, 효과기 세포로서 (인간) CD8 양성 T 세포 또는 마카크 T 세포주가 사용되면, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC₅₀ 값은 바람직하게는 ≤1000 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤500 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤10 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤5 pg/ml이다. 이 어세이에서, 표적 세포가 CHO 세포와 같은 (인간 또는 마카크) BCMA로 형질감염된 세포이면, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC₅₀ 값은 바람직하게는 ≤150 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤30 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤10 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤5 pg/ml이다.

[0090] 표적 세포가 BCMA 양성 내츄럴 발현자 세포주인 경우에는, EC₅₀ 값은 바람직하게는 ≤350 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤200 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤150 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 또는 그 미만이다.

[0091] 효과기 세포로서 (인간) PBMCs가 사용되면, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC₅₀ 값은 바람직하게는 ≤1000 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤750 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤500 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤350 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 또는 그 미만이다.

[0092] 특히 바람직한 구체예에서, 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 EC50이 ≤350 pg/ml 또는 그 미만, 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml 또는 그 미만임을 특징으로 한다. 상기 구체예에서, 표적 세포는 L363 세포이고 효과기 세포는 비자극된 인간 PBMCs이다. 통상의 기술자는 추가의 고심없이 EC50 값의 측정 방법을 안다. 또한, 본 명세서는 EC50 값을 측정하는 구체적인 지침을 제시한다; 예를 들어, 아래의 실시예 8.3, 참조. 적합한 프로토콜은 다음과 같다:

[0093] a) Ficol1 밀도 그래디언트 원심분리에 의하여 강화된 림프구 제제 (버피 코트)로부터 인간 말초 혈액 단핵세포 (PBMC) 준비

[0094] b) 임의적으로 Dulbecco's PBS (Gibco)로 세척

- [0095] c) 적혈구 용해 버퍼 (155 mM NH₄Cl, 10 mM KHCO₃, 100uM EDTA)로 인큐베이션 하여 PBMC로부터 남아있는 적혈구의 제거
- [0096] c) 100 x g에서 PBMC의 원심분리에 따른 상청액을 통하여 혈소판 제거
- [0097] d) CD14⁺ 세포 및 NK 세포 격감
- [0098] e) 예를 들어, LS 컬럼 (Miltenyi Biotec, #130-042-401)을 이용하여 CD14/CD56 음성 세포의 분리
- [0099] f) 필요할 때까지, 37℃, 인큐베이터에서, 예를 들어, RPMI 완전 배지 즉, 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x 비-필수 아미노산 (Biochrom AG, #K0293), 10 mM Hepes 버퍼 (Biochrom AG, #L1613), 1 mM 소듐 피루베이트 (Biochrom AG, #L0473) 및 100 U/mL 페니실린/스트렙토마이신 (Biochrom AG, #A2213)가 보충된 RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215)에서, PBMC w/o CD14+/CD56+ 세포 배양.
- [0100] g) 표적 세포 표지
- [0101] h) 바람직하게는 동등한 부피에서, E:T 세포 비율이 10:1이 되도록 효과기 및 표적 세포 혼합
- [0102] i) 바람직하게는 연속 희석에서 결합 분자 첨가
- [0103] j) 7% CO₂ 습식 인큐베이터에서 48 시간 동안 처리
- [0104] k) 예를 들어, 유세포 분석에 의하여, 최종 농도 1 µg/mL의 프로피디움 아이오다이드 (PI) 를 가하여 표적 세포 멤브레인 완전성 모니터
- [0105] l) 예를 들어, 하기 식에 따라 EC50 계산:

$$\text{세포독성}[\%] = \frac{n_{\text{dead target cells}}}{n_{\text{target cells}}} \times 100$$

$$n = \text{횟수}$$

- [0106]
- [0107] GraphPad Prism 5 software (Graph Pad Software, San Diego)를 이용하여, 상응하는 이중특이적 항체 농도에 대한 세포독성 퍼센트를 플로팅하였다. 고정된 힐 슬로프를 갖는 시그모이드 용량 반응 곡선의 평가를 위한 네 개 파라미터의 로지스트 회귀 분석 모델(logistic regression models)로 용량 반응 곡선이 분석될 수 있고 EC50 값이 계산되었다.
- [0108] 상기 측면에서, 본 발명의 결합 분자는 350 이하, 바람직하게는 320 이하의 EC50 (pg/ml)를 특징으로 하는 것이 바람직하다.
- [0109] 본 발명은 또한 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자 BCMA-83 x CD3, BCMA-62 x CD3, BCMA-5 x CD3, BCMA-98 x CD3, BCMA-71 x CD3, BCMA-34 x CD3, BCMA-74 x CD3, BCMA-20 x CD3 중 어느 하나의 EC50 (pg/ml)에 동등한 EC50 (pg/ml)에 특징을 갖는 여기에서 기술된 결합 분자에 관한 것이다. 여기에서 기술된 결합 분자의 EC50이 BCMA-83 x CD3, BCMA-62 x CD3, BCMA-5 x CD3, BCMA-98 x CD3, BCMA-71 x CD3, BCMA-34 x CD3, BCMA-74 x CD3, BCMA-20 x CD3 중 어느 하나의 EC50과 동등한지 여부를 측정하기 위해, 동일한 어세이를 적용하여 EC50을 결정하는 것이 고려된다. 용어 "동등한"은 각각의 EC50 값의 +/- 10%, 바람직하게는 +/- 7.5%, 더욱 바람직하게는 +/- 5%, 매우 더욱 바람직하게는 +/- 2.5%의 편차를 포함한다.
- [0110] 상기 기술된 어세이에서 "참고" 결합 분자로서 제공되는 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자 BCMA-83 x CD3, BCMA-62 x CD3, BCMA-5 x CD3, BCMA-98 x CD3, BCMA-71 x CD3, BCMA-34 x CD3, BCMA-74 x CD3, BCMA-20 x CD3는 바람직하게는 CHO 세포에서 생산된다.

- [0111] (항체와 같은) 개별적인 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 모노머 및 다이머 이소폼 간의 세포독성 활성의 차이는 "효과 갭(potency gap)"으로 지칭한다. 이 효과 갭은 예컨대 분자의 모노머 및 다이머의 EC_{50} 값 간의 비율로 계산할 수 있다. 시험된 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 효과 갭은 바람직하게는 ≤ 5 , 보다 바람직하게는 ≤ 4 , 보다 더 바람직하게는 ≤ 3 , 보다 더 바람직하게는 ≤ 2 그리고 가장 바람직하게는 ≤ 1 이다.
- [0112] 바람직하게는, 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 인간 BAFF-R 및/또는 인간 TACI에 결합하지 않거나 교차반응하지 않는다. 인간 BAFF-R 및/또는 인간 TACI과의 교차반응성을 탐지하는 방법은 실시예 9에 개시되어 있다.
- [0113] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 다수의 동결/융해 주기 후 매우 낮은 다이머 전환율을 나타내는 것이 또한 바람직하다. 바람직하게는 예를 들어, 3번의 동결/융해 주기 후 다이머 퍼센테이지는 $\leq 5\%$, 더욱 바람직하게는 $\leq 4\%$, 매우 더욱 바람직하게는 $\leq 3\%$, 매우 더욱 바람직하게는 $\leq 2.5\%$, 매우 더욱 바람직하게는 $\leq 2\%$, 매우 더욱 바람직하게는 $\leq 1.5\%$, 및 가장 바람직하게는 $\leq 1\%$ 이다. 동결-융해 주기 및 다이머 퍼센테이지는 실시예 16에 따라 측정할 수 있다.
- [0114] 본 발명의 (항체와 같은) BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 60°C 를 넘는 용융 온도를 갖는 이로온 열안정성을 보인다.
- [0115] (항체와 같은) BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 인간 혈장 단백질과의 잠재적 상호작용을 측정하기 위하여, 혈장 간섭 테스트(plasma interference test)가 수행될 수 있다 (예컨대, 실시예 18 참조). 바람직한 구체예에서, 혈장 단백질에 의해 매개되는 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 표적 결합의 유의한 감소는 없다. 상대적인 혈장 간섭 수치는 바람직하게는 ≤ 2 이다.
- [0116] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 치료 효능 또는 항암 활성을 나타낼 수 있는 것으로 추가로 고려된다. 이는 침투된 실시예, 예컨대 실시예 19(점진적 단계 인간 종양 제노그라프트 모델)에서 개시된 바와 같은 연구에서 평가될 수 있다. 당업자는 이러한 연구에서 여전히 의미있고 재현가능한 결과에 도달하면서도, 주사되는 종양 세포의 수, 주사의 부위, 이식된 인간 T 세포의 수, 투여되는 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 양, 타임라인과 같은 특정 파라미터를 어떻게 수정하거나 변경할지 알고 있다. 바람직하게는 종양 성장 저해율 T/C [%]는 70 또는 60 이하, 보다 바람직하게는 50 또는 40 이하, 보다 더 바람직하게는 적어도 30 또는 20 이하 그리고 가장 바람직하게는 10 이하, 5 이하 또는 2.5 이하이다.
- [0117] 바람직하게는, 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 HL60, MES-SA, 및 SNU-16과 같은 BCMA 음성 세포의 용해를 필수적으로 유도/매개하지 않는다. 용어 "용해를 유도하지 않는다", "용해를 필수적으로 유도하지 않는다", "용해를 매개하지 않는다" 또는 "용해를 필수적으로 용해하지 않는다"는 NCI-H929, L-363 또는 OPM-2와 같은 BCMA 양성 세포의 용해는 100%가 되도록 예정할 경우, 30% 이상의, 바람직하게는 20% 이상의, 보다 바람직하게는 10% 이상의, 특히 바람직하게는 9%, 8%, 7%, 6% 또는 5% 이상의 BCMA 음성 세포의 용해를 유도 또는 매개하지 않는다는 것을 의미한다. 이는 적어도 500 nM까지의 결합 분자의 농도에 해당된다. 당업자는 추가의 어려움 없이도 세포 용해를 어떻게 측정하는지 알고 있다. 게다가 본 명세서는 세포 용해를 어떻게 측정하는지 특별한 지시를 교시하고 있다, 예컨대 하기 실시예 20 참조.
- [0118] 한 구체예에서, 제1 또는 제2 결합 도메인은 항체이거나 또는 항체로부터 유래된다. 또다른 구체예에서, 결합 도메인은 모두 항체이거나 항체로부터 유래된다.
- [0119] 용어 "항체(antibody)"의 정의는 단일클론, 키메라, 단일 사슬, 인간화된 및 인간 항체와 같은 예들을

포함한다. 전장 항체에 더하여, 상기 정의는 또한 항체 유도체 및 항체 단편, 그 중에서도, Fab 단편 등과 같은 것을 포함한다. 항체 단편 또는 유도체는 또한, $F(ab')_2$, Fv, scFv 단편 또는 항체 도메인 항체 또는 나노바디(nanobodies)와 같은 단일 도메인, 다른 V 영역 또는 도메인의 독립적인 에피토프 또는 항원에 특이적으로 결합하는, VHH, VH 또는 VL일 수도 있는, 단지 하나의 가변 도메인만을 포함하는 단일 가변 도메인 항체 또는 면역글로불린 단일 가변 도메인을 포함한다; 예를 들어, Harlow and Lane (1988) 및 (1999), loc. cit.; Kontermann and Dubel, Antibody Engineering, Springer, 2nd ed. 2010 및 Little, Recombinant Antibodies for Immunotherapy, Cambridge University Press 2009, 참조. 상기 용어는 또한 디아바디(diabodies) 또는 이중-친화 재-표적(Dual-Affinity Re-Targeting, DART) 항체를 포함한다. 또한 (이중특이적) 단일 사슬 디아바디(diabodies), 탠덤 디아바디(tandem diabodies) (Tandab's), 다음의 구조로 예시되는 "미니바디(minibodies)"가 고려된다: $(VH-VL-CH3)_2$, $(scFv-CH3)_2$ 또는 $(scFv-CH3-scFv)_2$. "Fc DART" 항체 및 "IgG DART" 항체, 및 트리아바디(triabodies) 같은 멀티바디(multibodies). 면역글로불린 단일 가변 도메인은 분리된 항체 단일 가변 도메인 폴리펩티드 및 항체 단일 가변 도메인 폴리펩티드 서열의 하나 또는 그 이상의 모노머를 포함하는 더 큰 폴리펩티드를 포함한다.

[0120] 이와 같은 항체 및/또는 단편의 제조를 위한 다양한 공정이 당업계에 알려져 있고 사용될 수도 있다. 따라서, 펩티도미메틱(peptidomimetics)에 의하여 (항체) 유도체가 제조될 수 있다. 또한, 단일 사슬 항체 제조를 기술하는 기술 (그 중에서도, US 특허 4,946,778, Kontermann and Dubel (2010), loc. cit. 및 Little (2009), loc. cit. 참조)은 개조되어 선택된 폴리펩티드(들)에 특이적인 단일 사슬 항체를 생성할 수 있다. 또한, 형질 전환 동물을 이용하여 본 발명의 폴리펩티드 및 융합 단백질에 특이적인 인간화된 항체를 발현할 수도 있다. 단일클론 항체의 준비를 위하여, 연속된 세포주 배양에 의하여 제조되는 항체를 제공하는 어떠한 기술도 이용될 수 있다. 이와 같은 기술의 예는 인간 단일클론 항체를 제조하기 위한 하이브리도마 기술 (Kohler and Milstein Nature 256 (1975), 495-497), 트리오마 기술(trioma technique), 인간 B 세포 하이브리도마 기술 (Kozbor, Immunology Today 4 (1983), 72) 및 EBV 하이브리도마 기술을 포함한다(Cole *et al.*, Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy, Alan R. Liss, Inc. (1985), 77-96). BIAcore 시스템에 쓰이는 표면 플라즈몬 공명을 사용하여 CD3 오프셋과 같은 표적 폴리펩티드의 에피토프에 결합하는 파지 항체의 효율을 증가시킬 수 있다 (Schier, Human Antibodies Hybridomas 7 (1996), 97-105; Malmborg, J. Immunol. Methods 183 (1995), 7-13). 본 발명의 문맥에서 용어 "항체"는 아래에서 기술되는 바와 같이, 숙주에서 발현될 수도 있는 항체 구조체, 예를 들어, 그 중에서도, 바이러스 또는 플라스미드 벡터로 형질감염되고/되거나 형질도입된 항체 구조체를 포함하는 것으로 또한 생각된다.

[0121] 또한, 여기에서 쓰이는 것으로, 용어 "항체"는 기술된 항체와 동일한 특이성을 나타내는 여기에서 기술된 항체의 유도체 또는 변이체에 관한 것이다. "항체 변이체(antibody variants)"의 예는 비-인간 항체의 인간화된 변이체, 효과기 기능(들)이 변경된 "성숙한 친화성(affinity matured)" 항체 (예를 들어, Hawkins *et al.* J. Mol. Biol. 254, 889-896 (1992) 및 Lowman *et al.*, Biochemistry 30, 10832- 10837 (1991) 참조) 및 항체 돌연변이 (예를 들어, US 특허 5, 648, 260, Kontermann and Dubel (2010), loc. cit. 및 Little(2009), loc. cit. 참조)를 포함한다.

[0122] 여기에서 사용되는 경우, 용어 "항원-결합 도메인(antigen-binding domain)", "항원-결합 단편(antigen-binding fragment)" 및 "항체 결합 영역(antibody binding region)"은 항체 및 항원 사이의 특이적 결합을 하도록 하는 아미노산을 포함하는 항체 분자의 부분이다. 항체에 의하여 특이적으로 인지되고 결합되는 항원의 부분을 위에서 기술한 바와 같이 "에피토프"라고 한다. 위에서 기술한 바와 같이, 항원-결합 도메인은 전형적으로 항체 경쇄 가변 영역(VL) 및 항체 중쇄 가변 영역(VH)을 포함할 수도 있다; 그러나, 양자를 모두 포함해야만 하는 것은 아니다. Fd 단편은, 예를 들어, 두 개의 VH 영역을 가지고 종종 온전한 항원-결합 도메인의 일부 항원-결합 기능을 유지한다. 항체의 항원-결합 단편의 예는 (1) Fab 단편, VL, VH, CL 및 CH1 도메인을 갖는 1가의 단편; (2) $F(ab')_2$ 단편, 힌지 영역에서 이황화 결합에 의하여 연결된 두 개의 Fab 단편을 가지는 2가의 단편; (3) 두 개의 VH 및 CH1 도메인을 가지는 Fd 단편; (4) 항체의 단일 팔(single arm)의 VL 및 VH 도메인을 가지는 Fv 단편, (5) VH 도메인을 가지는 dAb 단편 (Ward *et al.*, (1989) Nature 341 :544-546); (6) 분리된 상보성 결정 영역(complementarity determining region, CDR), 및 (7) 단일 사슬 Fv (scFv)을 포함하고, 후자

(예를 들어, scFV-라이브러리로부터 유래된)가 바람직하다. Fv 단편의 두 개의 도메인, VL 및 VH는 별개의 유전자에 의하여 코딩되지만, 그들은 재조합 방법을 이용하여, VL 및 VH 영역이 쌍을 이루게 하여 1가의 분자(단일 사슬 Fv (scFv)로 알려짐; 참조 예를 들어, Huston *et al.* (1988) Proc. Natl. Acad. Sci USA 85:5879-5883)를 형성하여 그들을 단일 단백질 사슬로 만들 수 있는 합성 링커에 의하여 합쳐질 수 있다. 항체 단편들은 업계의 통상의 기술자에게 알려진 종래의 기술을 이용하여 얻어지고, 단편은 온전한 항체에서와 동일한 방식으로 기능이 평가된다.

[0123] 여기에서 사용된 것으로 용어 "단일클론 항체"는 실질적으로 균질한 항체의 집단으로부터 얻어지는 항체, 즉, 적은 양으로 존재할 수도 있는 자연적으로 일어날 수 있는 변이 및/또는 번역-후 변형(post-translation modification) (예를 들어, 이성화(isomerizations), 아마이드화(amidations))을 제외하고, 동일한 집단을 포함하는 개별적인 항체이다. 단일클론 항체는 단일 항원성 부위에 대하여 지향되는, 매우 특이적이다. 또한, 다른 결정기(에피토프)에 대하여 지향되어 전형적으로 다른 항체를 포함하게 되는 종래의 (다클론) 항체 제제와는 달리, 각 단일클론 항체는 항원 상의 단일 결정기에 대하여 지향된다. 그들의 특이성에 더하여, 단일클론 항체는 하이브리도마 배양에 의하여 합성되고, 다른 면역글로불린에 의하여 오염되지 않는다는 점에서 유리하다. 수식어 "단일클론"은 실질적으로 균질한 항체의 집단으로부터 얻어진 것으로서의 항체의 특성을 가리키고 어느 특정 방법에 의한 항체의 제조가 필요한 것으로 해석되어서는 안된다. 예를 들어, 본 발명에 부합되게 사용되는 단일클론 항체는 Kohler *et al.*, Nature, 256: 495 (1975)에 의하여 처음 기술된 하이브리도마 방법에 의하여 만들어질 수도 있고, 또는 재조합 DNA 방법 (참조, 예를 들어, U.S. 특허 No.4,816,567)에 의하여 만들어질 수도 있다. "단일클론 항체"는 또한, 예를 들어 Clackson *et al.*, Nature, 352: 624-628 (1991) 및 Marks *et al.*, J. Mol. Biol., 222: 581-597 (1991)에서 기술된 기술을 이용하여, 파지 항체 라이브러리로부터 분리될 수도 있다.

[0124] 본 발명의 단일클론 항체는 구체적으로 특정 종으로부터 유래되거나 특정 항체 클래스 또는 서브클래스에 속하는 항체에서 상응하는 서열과 중쇄 및/또는 경쇄의 부분이 동일하거나 상동인 반면 나머지 사슬(들)은 다른 종으로부터 유래되거나 다른 항체 클래스 또는 서브클래스에 속하는 항체에서 상응하는 서열과 동일하거나 상동인 "키메릭" 항체 (면역글로불린) 및 목적된 생물학적 활성을 보이는 이와 같은 항체의 단편을 포함한다(U. S. 특허 No. 4,816, 567; Morrison *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 6851-6855 (1984)). 여기에서 흥미로운 키메릭 항체는 비-인간 연장류 (예를 들어, Old World Monkey, Ape 등)로부터 유래된 가변 도메인 항원-결합 서열 및 인간 불변 영역 서열을 포함하는 "영장화 (primitized)" 항체를 포함한다.

[0125] 비-인간 (예를 들어, 무린) 항체의 "인간화된(humanized)" 형태는 비-인간 면역글로불린으로부터 유래된 최소의 서열을 함유하는, 대부분의 인간 서열의 키메릭 면역글로불린, 면역글로불린 사슬 또는 그의 단편 (Fv, Fab, Fab', F(ab')₂ 또는 항체의 다른 항원-결합 서브서열(subsequence)과 같은)이다. 대개, 인간화된 항체는 수령자의 과가변 영역 (또한 CDR)으로부터의 잔기가 목적인 특이성, 친화성 및 수용성을 가지는 마우스, 랫트 또는 토끼와 같은 비-인간 종의 과가변 영역으로부터 (공여자 항체)의 잔기로 교체된 인간 면역글로불린 (수령자 항체)이다. 몇몇 예에서, 인간 면역글로불린의 Fv 프레임 워크 영역 (framework region, FR) 잔기는 상응하는 비-인간 잔기 잔기로 교체된다. 또한, 여기에서 사용된 것으로 "인간화된 항체"는 또한 수령자 항체 및 공여자 항체에서 찾을 수 없는 잔기를 포함할 수도 있다. 이 변형들은 항체 수행력을 추가로 개선 및 최적화한다. 최적의 인간화된 항체는 또한 적어도 면역글로불린 불변 영역 (Fc)의 부분, 전형적으로 인간 면역글로불린의 그것을 포함할 것이다. 더욱 상세하게는, Jones *et al.*, Nature, 321: 522-525 (1986); Reichmann *et al.*, Nature, 332: 323-329 (1988); 및 Presta, Curr. Op. Struct. Biol., 2: 593-596 (1992) 참조.

[0126] 용어 "인간 항체(human antibody)"는 예를 들어, Kabat *et al.* (Kabat *et al.* (1991) loc. cit. 참조)에 의하여 기술된 것을 포함하는, 업계에서 알려진 인간 생식세포 면역글로불린 서열에 실질적으로 상응하는 가변 및 불변 영역을 가지는 항체를 포함한다. 본 발명의 인간 항체는 예를 들어 CDRs, 특히, CDR3에서, 인간 생식세포 면역글로불린 서열에 의하여 코딩되지 않는 아미노산 잔기(예를 들어, 인 비트로에서 무작위 또는 부위-특이적 돌연변이유발에 의하여 또는 인 비보에서 체세포 변이에 의하여 도입된 변이)를 포함할 수도 있다. 인간 항체는 인간 생식세포 면역글로불린 서열에 의하여 코딩되지 않는 아미노산 잔기로 교체된 적어도 하나, 둘, 셋, 넷,

다섯, 또는 그 이상의 자리를 가질 수 있다.

- [0127] 여기에서 사용된 것으로, "인 비트로에서 생성된 항체(in vitro generated antibody)"는 가변 영역 (예를 들어, 적어도 하나의 CDR)의 전부 또는 부분이 비-면역 세포 집합에서 생성되는 항체이다 (예를 들어, 인 비트로 파지 디스플레이, 단백질 칩 또는 항원에 결합하는 후보 서열의 능력이 시험될 수 있는 어떤 다른 방법). 이 용어는 따라서 바람직하게는 면역 세포에서 유전자 재배열에 의하여 생성되는 서열을 제외한다.
- [0128] "이중특이적(bispecific)" 또는 "이중기능성(bifunctional)" 항체 또는 면역글로불린은 두 개의 다른 중쇄/경쇄 쌍 및 두 개의 다른 결합 부위를 가지는 인공의 하이브리드 항체 또는 면역글로불린이다. 이중특이적 항체는 하이브리도마의 융합 또는 Fab' 단편의 연결을 포함하는 다양한 방법에 의하여 제조될 수 있다. 예를 들어, Songsivilai & Lachmann, Clin. Exp. Immunol. 79:315-321 (1990) 참조. 항체 또는 그의 항원-결합 단편을 얻기 위하여 업계의 통상의 기술자에게 알려진 많은 방법이 이용가능하다. 예를 들어, 항체는 재조합 DNA 방법을 이용하여 제조될 수 있다 (U.S. 특허 No.4,816,567). 단일클론 항체는 또한 알려진 방법과 부합되는 하이브리도마의 생성에 의하여 제조될 수도 있다 (예를 들어, Kohler and Milstein (1975) Nature, 256: 495-499 참조). 그런 다음 이 방식으로 형성된 하이브리도마를 효소-결합 면역흡착 어세이 (ELISA) 및 표면 플라즈몬 공명 (BIACORE™ 분석과 같은 표준 방법을 이용하여 스크리닝하여, 특정된 항원에 특이적으로 결합하는 항체를 제조하는 하나 또는 그 이상의 하이브리도마를 동정할 수 있다. 특정된 어느 항원이 면역원(immunogen), 예를 들어, 재조합 항원, 자연적으로 일어나는 형태, 어떠한 변이체 또는 그의 단편 및 그의 항원성 펩티드로서 사용된다.
- [0129] 항체를 만드는 하나의 예시적인 방법은 단백질 발현 라이브러리 스크리닝, 예를 들어, 파지 또는 리보솜 디스플레이 라이브러리를 포함한다. 파지 디스플레이는, 예를 들어, Ladner *et al.*, U.S. Patent No.5,223,409; Smith (1985) Science 228:1315-1317; Clackson *et al.* (1991) Nature, 352: 624-628에서 기술된다.
- [0130] 디스플레이 라이브러리의 이용에 더하여, 특정된 항원을 이용하여 비-인간 동물, 예를 들어, 설치류, 예를 들어, 마우스, 햄스터, 또는 랫트를 면역화할 수 있다. 한 구체예에서, 비-인간 동물은 적어도 인간 면역글로불린 유전자의 부분을 포함한다. 예를 들어, 인간 Ig loci의 큰 단편을 갖는 마우스 항체 제조에서, 마우스 스트레인 결합을 조작하는 것이 가능하다. 하이브리도마 기술을 이용하여, 목적한 특이성을 가지는 상기 유전자로부터 유래된 항원-특이적 단일클론 항체가 제조 및 선별될 수도 있다. 예를 들어, XENOMOUSE™ Green *et al.* (1994) Nature Genetics 7:13-21, US 2003- 0070185, WO 96/34096, 및 WO 96/33735 참조.
- [0131] 비-인간 동물로부터 단일클론 항체를 얻은 다음, 변형할 수 있다. 예를 들어, 인간화된, 탈면역화된 (deimmunized), 키메라는 업계에서 알려진 재조합 DNA 기술을 이용하여 제조될 수도 있다. 키메라 항체를 만드는 다양한 접근법이 기술되어 있다. 예를 들어, Morrison *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci U.S.A. 81:6851, 1985; Takeda *et al.*, Nature 314:452, 1985, Cabilly *et al.*, U.S. Patent No. 4,816,567; Boss *et al.*, U.S. Patent No. 4,816,397; Tanaguchi *et al.*, EP 0171496; EP 0173494, GB 2177096 참조. 인간화된 항체는 예를 들어, 인간 중쇄 및 경쇄 유전자를 발현하지만, 내인성 마우스 면역글로불린 중쇄 및 경쇄 유전자를 발현할 수 없는 형질전환 마우스를 이용하여 또한 제조될 수도 있다. Winter는 인간화된 항체를 제조하는 데에 사용될 수도 있는 예시적인 CDR-그래프팅법을 기술한다 (U.S. 특허 No. 5,225,539). 특정 인간 항체의 모든 CDRs은 적어도 비-인간 CDR의 부분으로 교체될 수도 있고, 또는 오로지 몇몇의 CDRs은 비-인간 CDRs로 교체될 수도 있다. 미리 결정된(predetermined) 항원에 대한 인간화된 항체의 결합에 요구되는 CDRs의 수를 교체하는 것만이 필요하다.
- [0132] 인간화된 항체 또는 그의 단편은 항원 결합과 직접적으로 관련되어 있지 않은 Fv 가변 도메인의 서열을 인간 Fv 가변 도메인으로부터의 동등한 서열과 교체함에 의하여 생성될 수 있다. 인간화된 항체 또는 그의 단편을 생성하는 예시적인 방법이 Morrison (1985) Science 229:1202-1207; by Oi *et al.* (1986) BioTechniques 4:214; 및 US 5,585,089; US 5,693,761; US 5,693,762; US 5,859,205; 및 US 6,407,213에 의하여 제공된다. 이 방법들은 적어도 하나의 중쇄 또는 경쇄로부터의 면역글로불린 Fv 가변 도메인의 전부 또는 부분을 인코딩하는 핵산

서열의 분리, 조작(manipulating), 및 발현을 포함한다. 이와 같은 핵산은 위에서 기술함 바와 같이, 미리결정된(predetermined) 표적에 대한 항체를 제조하는 하이브리도마로부터 얻어질 수도 있고, 다른 원천으로부터 얻어질 수도 있다. 그리고 나서, 인간화된 항체 분자를 인코딩하는 재조합 DNA가 적절한 발현 벡터로 클로닝될 수 있다.

[0133] 인간화된 항체는 보존적 치환, 공통 서열 치환, 생식세포 치환 및/또는 역 돌연변이(back mutation)의 도입에 의하여 최적화될 수 있다. 이와 같은 변경된 면역글로불린 분자는 업계에서 알려진 여러 기술중 어느 하나에 의해 만들어질 수 있고(예를 들어, Teng *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 80: 7308-7312, 1983; Kozbor *et al.*, Immunology Today, 4: 7279, 1983; Olsson *et al.*, Meth. Enzymol., 92: 3-16, 1982), EP 239 400에서 개시된 바에 따라 만들어질 수도 있다.

[0134] 항체 또는 그의 단편은 또한 인간 T 세포 에피토프의 특이적 결실 또는 WO 98/52976 및 WO 00/34317에 기술된 방법에 의한 "탈면역화(deimmunization)"에 의하여 변형될 수도 있다. 요약하면, 항체의 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 MHC 클래스 II에 결합하는 펩티드에 대하여 분석될 수 있다; 이 펩티드는 가능한 T 세포 에피토프를 대표한다 (WO 98/52976 및 WO 00/34317에 정의된 것으로서). 가능한 T 세포 에피토프를 검출하기 위하여, "펩티드 스레딩(peptide threading)"이라 명명된 컴퓨터 모델링 접근법이 적용될 수 있고, 또한 WO 98/52976 및 WO 00/34317에 기술된 것으로서, VH 및 VL 서열에 존재하는 모티프에 대하여 인간 MHC 클래스 II 결합 펩티드의 데이터베이스를 찾아볼 수 있다. 이 모티프는 18개 주요 MHC 클래스 II DR 알로타입(allotypes)의 어떤 것에도 결합하고, 따라서 가능한 T 세포 에피토프를 구성한다. 검출된 가능한 T-세포 에피토프는 가변 도메인에서 적은 수의 아미노산 잔기의 치환에 의하여, 또는 바람직하게는, 단일 아미노산 치환에 의하여 제거될 수 있다. 전형적으로, 보존적 치환이 이루어진다. 전적으로는 아니지만, 자주, 인간 생식세포 항체 서열에서 위치가 공통되는 아미노산이 사용될 수도 있다. 인간 생식세포 서열은, 예를 들어, Tomlinson, *et al.* (1992) J. Mol. Biol. 227:776-798; Cook, G.P. *et al.* (1995) Immunol. Today Vol. 16 (5): 237-242; 및 Tomlinson *et al.* (1995) EMBO J. 14: 14:4628-4638에서 기술된다. V BASE 디렉터리는 인간 면역글로불린 가변 영역 서열의 종합적인 디렉터리를 제공한다 (Tomlinson, LA. *et al.* MRC Centre for Protein Engineering, Cambridge, UK에 따름). 이 서열은 인간 서열의 원천, 예를 들어, 프레임 워크 영역(framework region) 및 CDRs로서 사용될 수 있다. 또한, 예를 들어, US 특허 No. 6,300,064에 기술된 것으로서 공통 인간 프레임 워크 영역(framework region)이 사용될 수 있다.

[0135] VH 및 VL의 쌍은 함께 단일 항원-결합하는 부위를 형성한다. VH에 가장 가까운 CH 도메인은 CH1로 표기된다. 각 L 사슬은 하나의 공유 이황화 결합에 의하여 H 사슬에 연결되고, 두 개의 H 사슬은 H 사슬의 이소타입(isotype)에 따라 하나 또는 그 이상의 이황화 결합에 의하여 서로 연결된다. 과가변 서열의 세 개의 영역에 대한 스캐폴드를 형성하는 (상보성 결정 영역, CDRs) VH 및 VL 도메인은 프레임 워크 영역(framework region)이라 불리는 비교적 잘 보존되는 서열 네 개의 영역으로 구성된다(FR1, FR2, FR3, 및 FR4). CDRs은 항체가 항원과 특이적으로 상호작용하는데 역할을 하는 대부분의 잔기를 함유한다. CDRs은 CDR1, CDR2, 및 CDR3라고 한다. 따라서, 중쇄의 CDR 성분은 H1, H2, 및 H3라 하고, 경쇄의 CDR 성분은 L1, L2, 및 L3라고 한다.

[0136] 용어 "가변(variable)"은 특정 항체의 특이성 및 결합 친화성을 결정하는 것과 관련이 있는 그들의 서열에서 가변성을 나타내는 면역글로불린 도메인의 일부분을 말한다 (즉, "가변 도메인(들)"). 가변성은 항체의 가변 도메인을 통하여 고르게 분배되지 않는다; 그것은 각 중쇄 및 경쇄 가변 영역의 서브-도메인에 집중된다. 이 서브-도메인은 "과가변(hypervariable)" 영역 또는 "상보성 결정 영역(complementarity determining region)" (CDRs)이라 한다. 가변 도메인의 더 잘 보존된 (즉, 비-과가변) 부분은 "프레임 워크(framework)" 영역 (FRM)이라 한다. 자연적으로 일어나는 중쇄 및 경쇄의 가변 도메인은 주로 β -시트(β -sheet) 형태인, 세 개의 과가변 영역에 의하여 연결된, β -시트 구조를 연결하는 루프를 형성하고, 몇몇 경우에 있어는 루프의 부분을 형성하는, 각각 네 개의 FRM 영역을 포함한다. 각 사슬에서 과가변 영역은, FRM 옆에 및 다른 사슬로부터의 과가변 영역과 함께, 아주 가깝게 서로 뭉쳐있고, 항원-결합 부위의 형성에 기여한다 (참조 Kabat *et al.*, loc. cit.). 불변 도메인은 항원 결합에 직접적으로 관련되지 않지만, 예를 들어, 항체-의존성, 세포-매개 세포독성 및 보체 활성화와 같은 다양한 효과기 기능을 나타낸다.

- [0137] 본 발명의 결합 분자는 제1 및 제2 도메인이 (scFv)₂, (단일 도메인 mAb)₂, scFv-단일 도메인 mAb, 디아바디 또는 그의 올리고머로부터 선택되는 물질을 형성하는 것이 또한 바람직하다.
- [0138] 용어 "CDR", 및 그의 복수형태 "CDRs"은, 세 개 (CDRL1, CDRL2 및 CDRL3)가 경쇄 가변 영역의 결합 특성을 구성하고 세 개 (CDRH1, CDRH2 및 CDRH3)가 중쇄 가변 영역의 결합 특성을 구성하는 상보성 결정 영역 (CDR)을 말한다. CDRs은 항체 분자의 기능적 활성화에 기여하고 스캐폴딩 또는 프레임 워크 영역(framework region)을 포함하는 아미노산 서열에 의해 분리된다. 명확하게 정의되는 CDR 경계 및 길이는 다른 분류 및 넘버링 시스템이 적용된다. CDRs은 따라서 Kabat, Chothia, contact, 또는, 여기에서 기술되는 넘버링 시스템을 포함하는 다른 어떠한 경계 정의에 의하여 불리어질 수도 있다. 다른 경계에도 불구하고, 이 시스템들 각각은 가변 서열 내의 "과가변 영역"이라 불리는 구성에서 어떤 겹치는 부분을 가진다. 따라서 인접한 프레임 워크 영역(framework region)에 관하여 이 시스템들에 따른 CDR 정의는 길이 및 경계 면적에서 다를 수도 있다. 예를 들어 Kabat, Chothia, 및/또는 MacCallum (Kabat *et al.*, loc. cit.; Chothia *et al.*, J. Mol. Biol, 1987, 196: 901; 및 MacCallum *et al.*, J. Mol. Biol, 1996, 262: 732) 참조. 그러나, 소위 Kabat 시스템에 따른 넘버링이 바람직하다.
- [0139] 용어 "아미노산" 또는 "아미노산 잔기" 는 일반적으로 알라닌 (Ala 또는 A); 아르기닌 (Arg 또는 R); 아스파라긴 (Asn 또는 N); 아스파르트산(Asp 또는 D); 시스테인 (Cys 또는 C); 글루타민 (Gln 또는 Q); 글루탐산(Glu 또는 E); 글리신 (Gly 또는 G); 히스티딘 (His 또는 H); 이소류신 (Ile 또는 I); 류신 (Leu 또는 L); 리신 (Lys 또는 K); 메티오닌 (Met 또는 M); 페닐알라닌 (Phe 또는 F); 프롤린 (Pro 또는 P); 세린 (Ser 또는 S); 트레오닌 (Thr 또는 T); 트립토판 (Trp 또는 W); 티로신 (Tyr 또는 Y); 및 발린 (Val 또는 V) 으로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산과 같이 당업계에서 인지된 정의를 갖는 아미노산을 말하나, 변경, 합성 또는 드문 아미노산도 필요한 경우 사용될 수 있다. 일반적으로, 아미노산은 비극성 측쇄 (예를 들어, Ala, Cys, Ile, Leu, Met, Phe, Pro, Val); 음전하 측쇄 (예를 들어, Asp, Glu); 양전하 측쇄 (예를 들어, Arg, His, Lys); 또는 비하전된 극성 측쇄 (예를 들어, Asn, Cys, Gln, Gly, His, Met, Phe, Ser, Thr, Trp, 및 Tyr)을 갖는 것으로 군이 나뉜다.
- [0140] 여기에서 사용되는 용어 "과가변 영역" (또한 "상보성 결정 영역" 또는 CDRs로서 알려짐)은 항원-결합 부위를 형성하는 면역글로불린의 V-영역 도메인 내에 있는 항체의 아미노산 잔기이고 (맨 끝 서열 가변성의 보통 세 개 또는 네 개의 짧은 영역) 항원 특이성의 주요 결정 인자이다. CDR 잔기를 확인하기 위한 적어도 두 개의 방법이 있다: (1) 중간-교차 서열 가변성에 기반한 접근법 (즉, Kabat *et al.*, loc. cit.); 및 (2) 항원-항체 복합체의 crysTALlographic 연구에 기반한 접근법 기 (Chothia, C. *et al.*, J. Mol. Biol. 196: 901-917 (1987)). 그러나, 두 개의 잔기 확인 기술은 동일한 영역이 아닌 중복되는 영역을 밝히므로, 그들은 하이브리드 CDR을 명확히 하기 위하여 조합될 수 있다. 그러나, 일반적으로, CDR 잔기는 바람직하게는 소위 Kabat (넘버링) 시스템에 따라 확인된다.
- [0141] 업계에서 용어 "프레임 워크 영역(framework region)"은 많이 다른 (즉, 과가변) CDRs 사이에 존재하는 항체 가변 영역의 당업계-인지된 일부분이다. 이와 같은 프레임 워크 영역은 전형적으로 프레임 워크 1 내지4 (FR1, FR2, FR3, 및 FR4)로서 불리고 3차원 공간에서 여섯 개의 CDRs (중쇄로부터 세 개 및 경쇄로부터 세 개)의 제시를 위한 스캐폴드를 제공하여, 항원-결합 표면을 형성한다.
- [0142] 전형적으로, CDRs은 정규 구조로서 분류될 수 있는 루프 구조를 형성한다. 용어 "정규 구조(canonical structure)"는 항원 결합 (CDR) 루프에 의해 채택되는 주 사슬 입체 형태이다. 비교 구조 연구로부터, 여섯 개 중 다섯 개의 항원 결합 루프만이 가능한 입체 형태의 제한된 레퍼토리를 갖음이 밝혀졌다. 각 정규 구조는 폴리펩티드 백본의 비틀림 각(torsion angles)을 특징으로 할 수 있다. 항체 사이에 상응하는 루프는, 따라서, 루프의 대부분에서 높은 아미노산 서열 가변성에도 불구하고, 매우 유사한 3차원 구조를 가질 수도 있다(Chothia and Lesk, J. Mol. Biol., 1987, 196: 901; Chothia *et al.*, Nature, 1989, 342: 877; Martin and Thornton,

J. Mol. Biol, 1996, 263: 800, 각 문헌은 참조로써 전체로서 참고된다). 또한, 채택된 루프 구조 및 그 주변의 아미노산 서열 사이에는 관련성이 있다. 특정 정규 클래스의 입체 형태는 루프의 길이 및 보존되는 프레임 워크 (즉, 루프의 외부)와 루프 내에서 중요한 위치에 있는 아미노산 잔기에 의하여 결정된다. 특정 정규 클래스의 배정은 따라서 이 중요 아미노산 잔기의 존재에 기반하여 이루어질 수 있다. 용어 "정규 구조"는 또한 예를 들어, Kabat에 의하여 목록으로 만들어진 것으로서 (Kabat *et al.*, loc. cit.), 항체의 선형 서열에 관한 고찰을 포함할 수도 있다. Kabat 넘버링 제도(scheme(시스템))은 일관된 방식에서 항체의 가변 도메인의 아미노산 잔기를 넘버링 하기 위한 표준으로 다양하게 채택되고 또한 여기에서 언급된 것으로서 본 발명에 적용되는 바람직한 제도(scheme)이다. 추가의 구조적인 고찰이 항체의 정규 구조를 결정하는데 또한 이용될 수 있다. 예를 들어, Kabat 넘버링에 의하여 완전히 반영되지 않는 차이들이 Chothia *et al*의 넘버링 시스템 및/또는 관련된 다른 기술, 예를 들어, crysTALLography 및 2 또는 3-차원 컴퓨터 모델링에 의하여, 설명될 수 있다. 이에 따라, 주어진 항체 서열이 다른 것들 중에서, 적절한 새시 서열(chassis sequence) (예를 들어, 라이브리리에서 정규 구조의 다양성을 포함하고자 하는 바람에 기반한)의 확인을 가능하게 하는 정규 클래스에 놓여질 수도 있다. 항체 아미노산 서열의 Kabat 넘버링 및 Chothia *et al.*, loc. cit.에 의하여 기술된 구조적 고찰 및 항체 구조의 정규적 측면을 이해하기 위한 그들의 암시가 문헌에 기술된다.

[0143]

CDR3는 전형적으로 항체-결합 부위 내에서 분자 다양성(molecular diversity)의 가장 좋은 원천이다. 예를 들어, H3는, 아미노산 잔기 두 개만큼 짧거나 또는 26개 아미노산 보다 길 수 있다. 면역글로불린의 다른 클래스의 서브유닛 구조 및 3-차원 형태는 업계에서 잘 알려져 있다. 항체 구조를 검토하기 위하여, 항체: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, eds. Harlow *et al.*, 1988 참조. 업계의 통상의 기술자는 각 서브유닛 구조, 예를 들어, CH, VH, CL, VL, CDR, FR 구조가, 활성 단편, 예를 들어, 항원에 결합하는 VH, VL, 또는 CDR 서브유닛의 부분, 즉, 항원-결합 단편, 또는, 예를 들어 Fc 수용체 및/또는 보체에(를) 결합하고/하거나 활성화하는, 예를 들어, CH 서브유닛의 부분을 포함한다는 것을 인지할 것이다. Sequenc of Protein of immunological Interest, US Department of Health and Human Services (1991), eds. Kabat *et al*에 기술된 것으로서, CDRs은 전형적으로 Kabat CDRs이다. Chothia에 의하여 기술된 것으로서, 항원 결합 부위를 특징짓는 다른 표준은 과가변 루프이다. 예를 들어, Chothia, *et al.* (1987; J. Mol. Biol. 227:799-817); 및 Tomlinson *et al.* (1995) EMBO J. 14: 4628-4638 참조. Oxford Molecular's AbM antibody modeling software에 의하여 이용된 또 다른 표준은 AbM 정의이다. 예를 들어, 일반적으로, 항체 가변 도메인의 단백질 서열 및 구조 분석(Protein Sequence and Structure Analysis of Antibody Variable Domains). In: Antibody Engineering Lab Manual (Ed.: Duebel, S. 및 Kontermann, R., Springer-Verlag, Heidelberg) 참조. Kabat CDRs에 관하여 기술된 예들은 유사하게 기술되는 Chothia 과가변 루프 또는 AbM-정의된 루프에 관한 관련성을 이용하여 대신하여 시행될 수 있다.

[0144]

조립 및 체세포 변이 후, 항체 유전자의 서열은 많이 달라지고 이 달라진 유전자들이 10^{10} 개의 다른 항체 분자를 인코딩하는 것으로 예상된다 (Immunoglobulin Genes, 2nd ed., eds. Jonio *et al.*, Academic Press, San Diego, CA, 1995). 따라서, 면역 시스템은 면역글로불린의 레퍼토리를 제공한다. 용어 "레퍼토리(repertoire)"는 적어도 하나의 면역글로불린을 인코딩하는 적어도 하나의 서열로부터 전체 또는 부분적으로 유래된 적어도 하나의 뉴클레오타이드 서열이다. 서열(들)은 중쇄의 V, D, 및 J 세그먼트, 및 경쇄의 V 및 J 세그먼트의 인 비보 재정렬에 의하여 생성될 수도 있다. 이에 대신하여, 서열(들)은 재정렬이 일어나는 것에 대한 반응, 예를 들어, 인 비트로 자극에 대한 반응으로 세포로부터 생성될 수 있다. 이에 대신하여, part 또는 모든 of the 서열(들)의 전부 또는 부분은 DNA 스플라이싱, 뉴클레오타이드 합성, 돌연변이유발, 및 다른 방법에 의하여 얻어질 수도 있다, 예를 들어, U.S. 특허 5,565,332 참조. 레퍼토리는 오직 하나의 서열만을 포함할 수도 있고 또는 유전적으로 다양한 모집에서의 하나 이상을 포함하는 복수의 서열을 포함할 수도 있다.

[0145]

한 구체예에서, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함한다:

[0146]

(1) 서열번호: 1에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 2에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 3에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 4에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 5에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 6에 나타난 CDR-L3;

- [illegible]

- [illegible]

- [0189] (44) 서열번호: 781에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 782에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 783에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 784에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 785에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 786에 나타낸 CDR-L3;
- [0190] (45) 서열번호: 791에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 792에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 793에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 794에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 795에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 796에 나타낸 CDR-L3;
- [0191] (46) 서열번호: 801에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 802에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 803에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 804에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 805에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 806에 나타낸 CDR-L3;
- [0192] (47) 서열번호: 811에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 812에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 813에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 814에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 815에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 816에 나타낸 CDR-L3;
- [0193] (48) 서열번호: 821에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 822에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 823에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 824에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 825에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 826에 나타낸 CDR-L3;
- [0194] (49) 서열번호: 831에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 832에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 833에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 834에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 835에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 836에 나타낸 CDR-L3;
- [0195] (50) 서열번호: 961에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 962에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 963에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 964에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 965에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 966에 나타낸 CDR-L3;
- [0196] (51) 서열번호: 971에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 972에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 973에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 974에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 975에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 976에 나타낸 CDR-L3;
- [0197] (52) 서열번호: 981에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 982에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 983에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 984에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 985에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 986에 나타낸 CDR-L3; 및
- [0198] (53) 서열번호: 991에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 992에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 993에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 994에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 995에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 996에 나타낸 CDR-L3.
- [0199] 또 다른 구체예에서, 상기 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 7, 서열번호: 17, 서열번호: 27, 서열번호: 37, 서열번호: 47, 서열번호: 57, 서열번호: 67, 서열번호: 77, 서열번호: 167, 서열번호: 177, 서열번호: 187, 서열번호: 197, 서열번호: 207, 서열번호: 217, 서열번호: 227, 서열번호: 317, 서열번호: 327, 서열번호: 337, 서열번호: 347, 서열번호: 357, 서열번호: 367, 서열번호: 377, 서열번호: 387, 서열번호: 587, 서열번호: 597, 서열번호: 607, 서열번호: 617, 서열번호: 627, 서열번호: 637, 서열번호: 647, 서열번호: 657, 서열번호: 667, 서열번호: 677, 서열번호: 687, 서열번호: 697, 서열번호: 707, 서열번호: 717, 서열번호: 727, 서열번호: 737, 서열번호: 747, 서열번호: 757, 서열번호: 767, 서열번호: 777, 서열번호: 787, 서열번호: 797, 서열번호: 807, 서열번호: 817, 서열번호: 827, 서열번호: 837, 서열번호: 967, 서열번호: 977, 서열번호: 987, 및 서열번호: 997에 나타낸 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함한다.
- [0200] 또다른 구체예에서, 상기 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 8, 서열번호: 18, 서열번호: 28, 서열번호: 38, 서열번호: 48, 서열번호: 58, 서열번호: 68, 서열번호: 78, 서열번호: 168, 서열번호: 178, 서열번호: 188, 서열번호: 198, 서열번호: 208, 서열번호: 218, 서열번호: 228, 서열번호: 318, 서열번호: 328, 서열번호: 338, 서열번호: 348, 서열번호: 358, 서열번호: 368, 서열번호: 378, 서열번호: 388, 서열번호: 588, 서열번호: 598, 서열번호: 608, 서열번호: 618, 서열번호: 628, 서열번호: 638, 서열번호: 648, 서열번호: 658, 서열번호: 668, 서열번호: 678, 서열번호: 688, 서열번호: 698, 서열번호: 708, 서열번호: 718, 서열번호: 728, 서열번호: 738, 서열번호: 748, 서열번호: 758, 서열번호: 768, 서열번호: 778, 서열번호: 788, 서열번호: 798, 서열번호: 808, 서열번호: 818, 서열번호: 828, 서열번호: 838, 서열번호: 968, 서열번호: 978, 서열번호: 988, 및 서열번호: 998에 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함한다.
- [0201] 한 구체예에서, 상기 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을

포함한다:

- [0202] (1) 서열번호: 7에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 8에 나타낸 VL 영역;
- [0203] (2) 서열번호: 17에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 18에 나타낸 VL 영역;
- [0204] (3) 서열번호: 27에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 28에 나타낸 VL 영역;
- [0205] (4) 서열번호: 37에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 38에 나타낸 VL 영역;
- [0206] (5) 서열번호: 47에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 48에 나타낸 VL 영역;
- [0207] (6) 서열번호: 57에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 58에 나타낸 VL 영역;
- [0208] (7) 서열번호: 67에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 68에 나타낸 VL 영역;
- [0209] (8) 서열번호: 77에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 78에 나타낸 VL 영역;;
- [0210] (9) 서열번호: 167에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 168에 나타낸 VL 영역;
- [0211] (10) 서열번호: 177에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 178에 나타낸 VL 영역;
- [0212] (11) 서열번호: 187에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 188에 나타낸 VL 영역;
- [0213] (12) 서열번호: 197에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 198에 나타낸 VL 영역;
- [0214] (13) 서열번호: 207에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 208에 나타낸 VL 영역;
- [0215] (14) 서열번호: 217에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 218에 나타낸 VL 영역;
- [0216] (15) 서열번호: 227에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 228에 나타낸 VL 영역;
- [0217] (16) 서열번호: 317에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 318에 나타낸 VL 영역;
- [0218] (17) 서열번호: 327에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 328에 나타낸 VL 영역;
- [0219] (18) 서열번호: 337에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 338에 나타낸 VL 영역;
- [0220] (19) 서열번호: 347에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 348에 나타낸 VL 영역;
- [0221] (20) 서열번호: 357에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 358에 나타낸 VL 영역;
- [0222] (21) 서열번호: 367에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 368에 나타낸 VL 영역;
- [0223] (22) 서열번호: 377에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 378에 나타낸 VL 영역;
- [0224] (23) 서열번호: 387에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 388에 나타낸 VL 영역;
- [0225] (24) 서열번호: 587에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 588에 나타낸 VL 영역;
- [0226] (25) 서열번호: 597에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 598에 나타낸 VL 영역;
- [0227] (26) 서열번호: 607에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 608에 나타낸 VL 영역;
- [0228] (27) 서열번호: 617에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 618에 나타낸 VL 영역;
- [0229] (28) 서열번호: 627에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 628에 나타낸 VL 영역;
- [0230] (29) 서열번호: 637에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 638에 나타낸 VL 영역;
- [0231] (30) 서열번호: 647에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 648에 나타낸 VL 영역;
- [0232] (31) 서열번호: 657에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 658에 나타낸 VL 영역;
- [0233] (32) 서열번호: 667에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 668에 나타낸 VL 영역;
- [0234] (33) 서열번호: 677에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 678에 나타낸 VL 영역;
- [0235] (34) 서열번호: 687에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 688에 나타낸 VL 영역;
- [0236] (35) 서열번호: 697에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 698에 나타낸 VL 영역;

- [0237] (36) 서열번호: 707에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 708에 나타난 VL 영역;
- [0238] (37) 서열번호: 717에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 718에 나타난 VL 영역;
- [0239] (38) 서열번호: 727에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 728에 나타난 VL 영역;
- [0240] (39) 서열번호: 737에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 738에 나타난 VL 영역;
- [0241] (40) 서열번호: 747에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 748에 나타난 VL 영역;
- [0242] (41) 서열번호: 757에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 758에 나타난 VL 영역;
- [0243] (42) 서열번호: 767에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 768에 나타난 VL 영역;
- [0244] (43) 서열번호: 777에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 778에 나타난 VL 영역;
- [0245] (44) 서열번호: 787에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 788에 나타난 VL 영역;
- [0246] (45) 서열번호: 797에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 798에 나타난 VL 영역;
- [0247] (46) 서열번호: 807에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 808에 나타난 VL 영역;
- [0248] (47) 서열번호: 817에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 818에 나타난 VL 영역;
- [0249] (48) 서열번호: 827에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 828에 나타난 VL 영역;
- [0250] (49) 서열번호: 837에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 838에 나타난 VL 영역;
- [0251] (50) 서열번호: 967에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 968에 나타난 VL 영역;
- [0252] (51) 서열번호: 977에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 978에 나타난 VL 영역;
- [0253] (52) 서열번호: 987에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 988에 나타난 VL 영역; 및
- [0254] (53) 서열번호: 997에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 998에 나타난 VL 영역;.
- [0255] 일예에서, 상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 9, 서열번호: 19, 서열번호: 29, 서열번호: 39, 서열번호: 49, 서열번호: 59, 서열번호: 69, 서열번호: 79, 서열번호: 169, 서열번호: 179, 서열번호: 189, 서열번호: 199, 서열번호: 209, 서열번호: 219, 서열번호: 229, 서열번호: 319, 서열번호: 329, 서열번호: 339, 서열번호: 349, 서열번호: 359, 서열번호: 369, 서열번호: 379, 서열번호: 389, 서열번호: 589, 서열번호: 599, 서열번호: 609, 서열번호: 619, 서열번호: 629, 서열번호: 639, 서열번호: 649, 서열번호: 659, 서열번호: 669, 서열번호: 679, 서열번호: 689, 서열번호: 699, 서열번호: 709, 서열번호: 719, 서열번호: 729, 서열번호: 739, 서열번호: 749, 서열번호: 759, 서열번호: 769, 서열번호: 779, 서열번호: 789, 서열번호: 799, 서열번호: 809, 서열번호: 819, 서열번호: 829, 서열번호: 839, 서열번호: 969, 서열번호: 979, 서열번호: 989, 및 서열번호: 999 로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함한다..
- [0256] 본 발명의 결합 분자는 12개의 아미노산 길이의 CDR-H3을 가지며, 여기에서 티로신(Y) 잔기가 위치 3, 4 및 12에 존재하는 것이 바람직하다. 바람직한 CDR-H3은 서열번호: 43, 193, 333, 613, 703, 733, 823, 또는 973로 나타난다. 따라서, 본 발명의 결합 분자는 바람직한 구체예에서 서열번호: 43, 193, 333, 613, 703, 733, 823, 또는 973로 나타나는 CDR-H3를 갖는다.
- [0257] 서열번호: 340로 나타나는 아미노산 서열을 갖는 결합 분자가 바람직하다. 또한 서열번호: 980로 나타나는 아미노산 서열을 갖는 결합 분자가 바람직하다.
- [0258] 본 발명의 결합 분자는 바람직하게는 "단리된" 결합 분자이다. 여기에서 개시한 결합 분자를 기술하기 위해 사용될 때 "단리된"은 그의 생산 환경의 성분으로부터 확인, 분리 및/또는 회수된 결합 분자를 의미한다. 바람직하게는, 단리된 결합 분자는 그의 생산 환경으로부터 모든 다른 성분과의 연계가 없다. 재조합 형질감염 세포로부터 생성되는 것과 같은, 그의 생산 환경의 오염 성분은 폴리캡타이드에 대한 진단 또는 치료 용도를 전형적으

로 간섭할 수 있는 물질이며, 이는 효소, 호르몬 및 기타 단백질 또는 비단백질성 용질을 포함할 수 있다. 바람직한 구체예에서, 결합 물질은 (1) 회전 컵 배열결정장치(spinning cup sequenator)의 사용에 의해 N-말단 또는 내부의 아미노산 서열의 적어도 15개의 잔기를 얻기에 충분한 정도로, 또는 (2) 쿠마시 블루 또는, 바람직하게는, 실버 염색을 이용하여 비환원 또는 환원 조건 하에서 SDS-PAGE에 의해 균질하게 정제될 것이다. 그러나, 보통, 단리된 항체는 적어도 한번의 정제 과정에 의해 제조될 것이다.

[0259] 여기에서 기술된 결합 분자의 아미노산 서열 변형이 고려된다. 예를 들어, 항체의 결합 친화도 및/또는 기타 생물학적 특성을 향상시키기 위해 필요로 할 수 있을 것이다. 결합 분자의 아미노산 서열 변이체는 적당한 뉴클레오타이드 변화를 결합 분자 핵산 서열에 도입하거나 펩타이드 합성에 의해 제조할 수 있다.

[0260] 그러한 변형은, 예를 들어, 결합 분자의 아미노산 서열 내의 잔기의 결실, 및/또는 삽입, 및/또는 치환을 포함한다. 결실, 부가 및 치환의 임의의 조합이 최종 구성물에 도달하도록 만들며, 최종 구성물이 원하는 특성을 소유하도록 한다. 아미노산 변화는 또한 글리코실화 부위의 수 또는 위치를 변경하는 것과 같이 번역 후 과정을 달라지게 할 수 있을 것이다. 바람직하게는 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10개의 아미노산 서열이 CDR 내에서 치환될 수 있을 것이고, 반면 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 또는 25개의 아미노산이 프레임워크 영역(FRs)에서 치환될 수 있을 것이다. 상기 치환은 바람직하게는 여기에서 기술된 보존적 치환이다. 추가적으로 또는 대신하여, 각각의 CDRs에서 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6개의 아미노산 서열이 삽입 또는 결실될 수 있고(물론, 그들의 길이에 따라), 반면 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 또는 25개의 아미노산이 각각의 FRs에서 삽입 또는 결실될 수 있다.

[0261] 돌연변이화를 위한 바람직한 위치인 결합 분자의 특정 잔기 또는 영역의 확인을 위한 유용한 방법은 Cunningham and Wells in Science, 244: 1081-1085 (1989)에 의해 기술된 소위 "알라닌 스캐닝 돌연변이화(alanine scanning mutagenesis)"이다. 여기에서, 결합 분자 내의 잔기 또는 표적 잔기의 그룹이 확인되고(예컨대, arg, asp, his, lys, 및 glu와 같은 하전된 잔기) 중성 또는 음하전의 아미노산(가장 바람직하게는 알라닌 또는 폴리알라닌)에 의해 대체되어 아미노산과 에피토프와의 상호작용에 영향을 미치게 된다.

[0262] 그런 다음 치환에 대한 기능적 민감성을 증명하는 이들 아미노산 위치를 치환의 위치에 추가의 또는 다른 변이를 도입함으로써 정리한다. 따라서, 아미노산 서열 변이를 도입하기 위한 부위는 예정된 반면, 돌연변이의 본질 그 자체는 예정될 필요가 없다. 예를 들어, 주어진 부위에 돌연변이의 수행을 분석하기 위해, 알라닌 스캐닝 또는 랜덤 돌연변이화가 표적 코돈 또는 영역에서 수행되며 발현된 결합 분자 변이체는 원하는 활성에 대해 스크리닝 된다.

[0263] 바람직하게는, 아미노산 서열 삽입은 단일 또는 다수의 아미노산 잔기의 서열내 삽입 뿐만 아니라 100개 이상의 잔기를 함유하는 폴리펩타이드에 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10 개의 잔기의 길이 범위의 아미노- 및/또는 카복실-말단 융합을 포함한다. 결합 분자의 삽입 변이체는 효소에 대한 항체의 N- 또는 C-말단에서의 융합 또는 항체의 혈청 반감기를 증가시키는 폴리펩타이드에 대한 융합을 포함한다.

[0264] 다른 유형의 변이체는 아미노산 치환 변이체이다. 이들 변이체는 바람직하게는 결합 분자 내에서 다른 잔기에 의해 대체되는, 바람직하게는 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10개의 아미노산 잔기를 갖는다. 치환적 돌연변이화를 위한 가장 관심있는 부위는 중쇄 및/또는 경쇄, 특히 과가변 영역의 CDRs을 포함하나, 중쇄 및/또는 경쇄 내 FR 변화 또한 고려된다.

[0265] 예를 들어, CDR 서열이 6개의 아미노산을 포함하는 경우, 이들 아미노산 중 하나, 둘 또는 세 개가 치환된다. 유사하게, CDR 서열이 15개의 아미노산을 포함하는 경우 이들 아미노산 중 하나, 둘, 셋, 넷, 다섯 또는 여섯 개가 치환된다.

[0266] 일반적으로, 중쇄 및/또는 경쇄의 하나 이상의 또는 모든 CDR에서 아미노산들이 치환되는 경우, 얻어진 "치환된" 서열은 "본래의" CDR 서열에 대해 적어도 60%, 더욱 바람직하게는 65%, 매우 더욱 바람직하게는 70%, 특히 바람직하게는 75%, 더욱 특히 바람직하게는 80% 동일성을 갖는 것이 바람직하다. 이는 "치환된" 서열에 대해 동일한 정도가 CDR의 길이에 의존적임을 의미한다. 예를 들어, 5개의 아미노산을 갖는 CDR은 치환된 적어도 하나의 아미노산을 갖기 위해서는 그의 치환된 서열에 대해 바람직하게는 80% 동일하다. 따라서, 결합 분자의 CDR은 그들의 치환된 서열에 대한 동일성의 상이한 정도를 가질 수 있으며, 예를 들어, CDRL1은 80%를 가질 수 있는 반면 CDRL3은 90%를 가질 수 있다.

[0267] 바람직한 치환(또는 대체)은 보존적 치환이다. 그러나, 결합 분자가 제1 결합 도메인을 통해 BCMA에 그리고 제2 결합 도메인을 통해 CD3 오프셋론에 결합하는 그의 능력을 유지하고/거나 그의 CDRs이 치환된 서열에 대해 동일성 ("본래의" CDR 서열에 대해 적어도 60%, 더욱 바람직하게는 65%, 매우 더욱 바람직하게는 70%, 특히 바람직하게는 75%, 더욱 특히 바람직하게는 80% 동일성)을 갖는 한, 임의의 치환(비보존적 치환 또는 표 1에 나열된 "예시적 치환" 중 하나 이상을 포함)이 고려된다.

[0268] 보존적 치환은 "바람직한 치환"이라는 제목 하에 표1에 나타낸다. 그러한 치환이 생물학적 활성에서의 변화를 일으키는 경우, 표 1에서 "예시적인 치환"으로 지칭한 또는 아미노산 클래스에 대해 참고로 하기 추가로 기술된 보다 실질적인 변화가 도입될 수 있으며 원하는 특성에 대한 산물이 스크리닝된다.

표 1: 아미노산 치환

본래	예시적 치환	바람직한 치환
Ala (A)	val, leu, ile	val
Arg (R)	lys, gln, asn	lys
Asn (N)	gln, his, asp, lys, arg	gln
Asp (D)	glu, asn	glu
Cys (C)	ser, ala	ser
Gln (Q)	asn, glu	asn
Glu (E)	asp, gln	asp
Gly (G)	ala	ala
His (H)	asn, gln, lys, arg	arg
Ile (I)	leu, val, met, ala, phe	leu
Leu (L)	norleucine, ile, val, met, ala	ile
Lys (K)	arg, gln, asn	arg
Met (M)	leu, phe, ile	leu
Phe (F)	leu, val, ile, ala, tyr	tyr
Pro (P)	ala	ala
Ser (S)	thr	thr
Thr (T)	ser	ser
Trp (W)	tyr, phe	tyr
Tyr (Y)	trp, phe, thr, ser	phe
Val (V)	ile, leu, met, phe, ala	leu

[0269]

[0270] 본 발명의 결합 분자의 생물학적 특성에서의 실질적인 변형은 (a) 예를 들어, 시트 또는 헬릭스 구조와 같은, 치환의 영역 내 폴리펩타이드 백본의 구조, (b) 표적 부위에서 분자의 전하 또는 소수성, 또는 (c) 측쇄의 크기를 유지하는 그들의 효과에서 유의하게 상이한 치환을 선택함으로써 달성된다. 자연적으로 발생하는 잔기는 통상적인 측쇄 특성에 근거하여 다음 그룹으로 나뉜다: (1) 소수성: 노르류신, met, ala, val, leu, ile; (2) 중성 친수성: cys, ser, thr; (3) 산성: asp, glu; (4) 염기성: asn, gin, his, lys, arg; (5) 쇠 배향에 영향을 주는 잔기: gly, pro; 및 (6) 방향족: trp, tyr, phe.

- [0271] 비보존적 치환은 다른 클래스에 대한 이들 클래스 중 하나의 일원을 교환하는 것을 수반할 것이다. 결합 분자의 적절한 구조를 유지하는데 관여하지 않는 임의의 시스템인 잔기는, 일반적으로 세린으로, 치환되어, 분자의 산화적 안정성을 개선하고 비정상적인 교차결합을 예방할 수 있다. 역으로, 시스템인 결합을 항체에 추가하여 그의 안정성을 개선시킬 수도 있다(특히 항체가 Fv 단편과 같은 항체 단편인 경우).
- [0272] 치환 변이체의 특히 바람직한 유형은 모 항체의 하나 이상의 과가변 영역 잔기를 치환하는 것을 포함한다(예컨대, 인간화 또는 인간 항체). 일반적으로, 추가의 개발을 위해 선택된 생성된 변이체는 그들이 생성된 모 항체에 상대적으로 개선된 생물학적 특성을 가질 것이다. 그러한 치환 변이체를 생성하기 위한 편리한 방법은 파지 디스플레이를 이용한 친화도 성숙(affinity maturation)을 포함한다. 요약하면, 여러 과가변 영역 부위(예컨대, 6-7 부위)가 변이되어 각각의 부위에서 모든 가능한 아미노산 치환을 생성한다. 그에 따라 생성된 항체 변이체는 각각의 입자 내에 패키징된 M13의 유전자 III 산물에 융합으로서 사상 파지 입자(filamentous phage particles)로부터 일가 방식(monovalent fashion)으로 디스플레이된다. 파지-디스플레이된 변이체는 그런 다음 여기에서 기술된 바와 같이 그들의 생물학적 활성(예컨대, 결합 친화도)에 대해 스크리닝된다. 변형을 위한 후보 과가변 영역 부위를 확인하기 위해, 알려진 스캐닝 돌연변이화를 수행하여 항원 결합에 중대하게 기여하는 과가변 영역 잔기를 확인할 수 있다. 대신하여, 또는 추가로, 항원-항체 복합체의 결정 구조를 분석하여 결합 도메인 및 예컨대, 인간 BCMA 간의 접촉 포인트를 확인하는 것이 유리할 수 있다. 그러한 접촉 잔기 및 주변 잔기는 여기에서 상술하나 기술에 따른 치환에 대한 후보들이다. 그러한 변이체들이 생성될 때, 변이체의 패 널을 여기에서 기술한 바와 같이 스크리닝되게 하고, 하나 이상의 연관 어세이에서 우수한 특성을 갖는 항체들을 추가의 개발을 위해 선택할 수 있다.
- [0273] 결합 분자의 또다른 변형이 여기에서 고려된다. 예를 들어, 결합 분자는 다양한 비단백질성 폴리머, 예컨대, 폴리에틸렌 글리콜, 폴리프로필렌 글리콜, 폴리옥시알킬렌 또는 폴리에틸렌 글리콜 및 폴리프로필렌 글리콜의 코 폴리머 중 하나와 연결될 수 있다. 결합 분자는 또한 예를 들어 코아세르베이션 기술 또는 계면 폴리머화에 의해 제조된 마이크로캡슐(예를 들어, 하이드록시메틸셀룰로오스 또는 젤라틴-마이크로캡슐 및 폴리(메틸메타아크릴레이트) 마이크로캡슐, 각각)로, 콜로이드 약물 전달 시스템(예를 들어, 리포솜, 알부민 마이크로스피어, 마이크로에멀전, 나노입자 및 나노캡슐), 또는 마크로에멀전 내에 포집될 수 있다. 그러한 기술들은 Remington's Pharmaceutical Sciences, 16th edition, Oslo, A., Ed., (1980)에서 기술된다.
- [0274] 여기에서 개시된 결합 분자는 또한 면역-리포솜으로 제제화될 수 있다. 벌?泰팍은 포유동물에 약물을 전달하기에 유용한, 다양한 유형의 지질, 인지질 및/또는 계면활성제로 이루어진 소포이다. 리포솜의 성분은 통상 이중층 형성 내에 존재하여, 생물학적 막의 지질 배열과 유사하다. 항체를 함유하는 리포솜은 다음과 같이 당업계에 알려진 방법에 의해 제조된다: Epstein *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82: 3688 (1985); Hwang *et al.*, Proc. Natl Acad. Sci. USA, 77: 4030 (1980); US 등록특허번호 4,485,045 및 4,544,545; 및 1997년 10월 23일 공개된 W0 97/38731. 향상된 순환 시간을 갖는 리포솜이 US 특허 번호 5,013,556에 개시되어 있다. 특히 유용한 리포솜은 포스파티딜콜린, 콜레스테롤 및 PEG-유도화된 포스파티딜에탄올아민(PEG-PE)을 포함하는 지질 조성물로 역상 증발법에 의해 생성될 수 있다. 리포솜은 정해진 기공 크기의 필터를 통해 밀어내어 원하는 직경을 갖는 리포솜을 수득한다. 본 발명의 항체의 Fab'단편은 다이설파이드 교환 반응을 통해 Martin *et al.* J. Biol. Chem. 257: 286-288 (1982) 에 기술된 바와 같이 리포솜에 컨쥬게이션될 수 있다. 화학요법제는 선택적으로 리포솜 내에 함유된다. Gabizon *et al.* J. National Cancer Inst. 81 (19) 1484 (1989) 참조
- [0275] 제조합 기술을 이용할 때, 결합 분자는 세포내에서, 주변세포질 공간 내에서 생산되거나, 또는 배지로 직접 분비될 수 있다. 결합 분자가 세포내에서 생산되는 경우, 첫 번째 단계로서, 침전물 찌꺼기, 숙주세포 또는 용해된 단편들이, 예를 들어, 원심분리 또는 초미세여과에 의해 제거된다. Carter *et al.*, Bio/Technology 10: 163-167 (1992)는 *E. coli*의 주변세포질 공간 내로 분비되는 항체들을 분리하는 과정을 기술한다.

- [0276] 세포로부터 제조된 결합 분자 조성물은 예를 들어, 하이드록실아파타이트 크로마토그래피, 겔 전기영동, 투석 및 친화성 크로마토그래피를 이용하여 정제될 수 있으며, 친화성 크로마토그래피가 바람직한 정제 기술이다.
- [0277] 추가적 양태에서, 본 발명은 본 발명의 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열에 관한 것이다. 용어 "핵산"은 당업자에게 잘 알려져 있으며, DNA (cDNA와 같은) 및 RNA (mRNA와 같은)를 포괄한다. 핵산은 이중가닥 및 단일가닥, 선형 및 원형일 수 있다. 상기 핵산 분자는 바람직하게는 숙주 세포 내에 바람직하게는 포함되는 벡터 내로 바람직하게는 포함된다. 상기 숙주 세포는 본 발명의 핵산 서열로 예컨대 형질 전환 또는 형질감염 후, 결합 분자를 발현할 수 있다. 그러한 목적을 위해 핵산 분자는 조절 서열과 작동가능하게 연결된다.
- [0278] 벡터는 (외래의) 유전 물질을 세포 내로 이동시키는 비히클로서 사용되는 핵산 물질이다. 용어 "벡터"는 - 이에 제한되는 것은 아니나 - 플라스미드, 바이러스, 코스미드 및 인공 크로모솜을 포괄한다. 일반적으로, 조작된 벡터는 복제 오리진, 멀티클로닝 부위 및 선별 마커를 포함한다. 벡터 그 자체는 일반적으로 뉴클레오타이드 서열, 통상적으로 aDNA 서열이며, 이는 삽입(전이유전자) 및 벡터의 "백본"으로서 제공되는 더 큰 서열을 포함한다. 최근의 벡터는 전이유전자 삽입물 및 백본 이외에 추가의 특성을 포함한다: 프로모터, 유전적 마커, 항생 물질 저항성, 리포터 유전자, 타겟팅 서열, 단백질 정제 태그. 특히 발현 벡터(발현 구조체)로 불리는 벡터는 표적 세포 내에서 전이유전자의 발현을 위한 것이고, 일반적으로 전이유전자의 발현을 유도하는 프로모터 서열과 같은 조절 서열을 갖는다. 벡터의 표적 세포 내로의 삽입은 대개 박테리아 세포에 대해서는 "형질전환", 진핵세포에 대해서는 "형질감염"으로 지칭하나, 바이러스 벡터의 삽입은 또한 "형질도입"으로 지칭한다.
- [0279] 여기에서 사용된, 용어 "숙주 세포"는 본 발명의 결합 분자를 코딩하는 핵산이 형질전환, 형질감염 등의 방법에 의해 도입되는 세포를 말하는 것으로 의도된다. 그러한 용어는 특정 대상 세포뿐만 아니라 그러한 세포의 자손 또는 잠재적 자손도 말하는 것으로 이해해야 할 것이다. 특정 변형이 돌연변이 또는 환경적 영향으로 인해 후손에서 발생할 수 있기 때문에, 그러한 자손은 사실 모세포와 동일한 것은 아닐 수 있지만 여기에서 사용된 용어의 범위 내에 여전히 포함된다.
- [0280] 여기에서 사용된, 용어 "발현"은 이에 제한되는 것은 아니나, 전사, 전사 후 변형, 번역, 번역 후 변형, 및 분비를 포함하는, 본 발명의 결합 분자의 생산에 관여하는 임의의 단계를 포함한다.
- [0281] 용어 "조절 서열"은 특정 숙주 생물체에서 작동가능하게 연결될 코딩 서열의 발현을 위해 필요한 DNA 서열을 말한다. 원핵세포에 적합한 조절 서열은, 예를 들면, 프로모터, 선택적으로는 오퍼레이터 서열, 및 리보솜 결합 부위를 포함한다. 진핵 세포는 프로모터, 폴리아데닐화 신호, 및 인핸서를 이용하는 것으로 알려져 있다.
- [0282] 핵산이 다른 핵산 서열과 기능적 관계에 놓여 있을 때 "작동가능하게 연결"된다. 예를 들어, 전구서열 또는 분비 리더에 대한 DNA는 폴리펩타이드의 분비에 참여하는 전구단백질로서 발현되는 경우 폴리펩타이드에 대한 DNA에 작동가능하게 연결되며; 프로모터 또는 인핸서는 서열의 전사에 영향을 미치는 경우 코딩 서열에 작동가능하게 연결되고; 또는 리보솜 결합 부위는 번역을 촉진시키기 위해 그것이 위치할 경우 코딩 서열에 작동가능하게 연결된다. 일반적으로, "작동가능하게 연결된"은 연결된 DNA 서열들이 분비 리더의 경우에는 인접하고, 리딩 단계에서 인접하다. 그러나, 인핸서는 인접해야만 하지 않는다. 연결은 간편한 제한 부위에서의 라이게이션에 의해 수행된다. 그러한 부위가 존재하지 않는 경우, 합성 올리고뉴클레오타이드 어댑터 또는 링커가 관례에 따라 사용된다.
- [0283] 용어 "숙주 세포", "표적 세포" 또는 "수령 세포(recipient cell)"는 외생적 핵산 분자, 폴리뉴클레오타이드 및/또는 단백질의 도입 또는 벡터에 대한 수령자가 되었거나 될 수 있는 임의의 개개의 세포 또는 세포 배양물을 포함하는 것으로 의도된다. 또한 단일 세포의 자손을 포함하는 것으로 의도되며, 자손은 자연적, 우연적, 또는 의도적 돌연변이로 인해 본연의 모세포에 필수적으로 완전히 동일하지 않을 수 있다(형태적으로 또는 유전적 또는

는 전체 DNA 보완물에서). 세포들은 원핵세포성 또는 진핵세포성일 수 있으며, 이에 제한되는 것은 아니나, 박테리아 세포, 효모 세포, 동물 세포 및 포유동물 세포, 예컨대, 무린, 랫트, 마카크 또는 인간을 포함한다.

[0284] 적합한 숙주세포는 효모, 곰팡이, 곤충 세포 및 포유동물 세포를 포함한 진핵세포 및 원핵세포를 포함한다.

[0285] 본 발명의 결합 분자는 박테리아에서 생산될 수 있다. 본 발명의 결합 분자의 발현 후, 바람직하게는 결합 분자는 가용 분획 내 *E. coli* 세포 페이스트로부터 단리되고, 예컨대, 친화성 크로마토그래피 및/또는 크기 배제를 통해 정제될 수 있다. 최종 정제는, 예컨대, CHO 세포에서 발현된 항체를 정제하는 방법과 유사하게 수행될 수 있다.

[0286] 원핵세포뿐만 아니라, 사상 진균 또는 효모와 같은 진핵성 미생물은 본 발명의 결합 분자에 대한 적합한 클로닝 또는 발현 숙주이다. *Saccharomyces cerevisiae* 또는 통상의 제빵 효모는 하급 진핵성 숙주 생물체 중에서 가장 흔히 사용된다. 그러나, *Schizosaccharomyces pombe*, *Kluyveromyces* 숙주(예컨대, *K. lactis*, *K. fragilis* (ATCC 12424), *K. bulgaricus* (ATCC 16045), *K. wickerhamii* (ATCC 24178), *K. waltii* (ATCC 56500), *K. drosophilum* (ATCC 36906), *K. thermotolerans*, 및 *K. marxianus*); *Yarrowia* (EP 402 226); *Pichia pastoris* (EP 183 070); *Candida*; *Trichoderma reesia* (EP 244 234); *Neurospora crassa*; *Schwanniomyces* (예컨대, *Schwanniomyces occidentalis*); 및 예컨대, *Neurospora*, *Penicillium*, *Tolypocladium*, 및 *Aspergillus* 숙주(예컨대, *A. nidulans* and *A. niger*.)와 같은 사상 진균과 같은 다양한 다른 속, 종 및 균주가 통상적으로 입수가 가능하고 여기에서 유용하다.

[0287] 본 발명의 글리코실화된 결합 분자, 바람직하게는 항체 유래 결합 분자의 발현을 위한 적합한 숙주 세포는 다세포 생물체로부터 유래한 것이다. 무척추 세포의 예는 식물 및 동물 세포를 포함한다. 수많은 배콜로바이러스 균주 및 변이체 그리고 상응하는 *Spodoptera frugiperda* (애벌레), *Aedes aegypti* (모기), *Aedes albopictus* (모기), *Drosophila melanogaster* (초파리), 및 *Bombyx mori* 와 같은 숙주로부터의 상응하는 허용가능한 동물 숙주 세포가 확인되었다. 형질감염을 위한 다양한 바이러스 균주들은 공중에서 입수가 가능하며, 예컨대, *Autographa californica* NPV의 L-1 변이체 및 *Bombyx mori* NPV의 Bm-5 균주, 그리고 그러한 바이러스들은 본 발명에 따른 여기에서의 바이러스로서, 특히 *Spodoptera frugiperda* 세포의 형질감염을 위해 사용될 수 있다.

[0288] 목화, 옥수수, 감자, 대두, 페튜니아, 토마토, 아라비도시스 및 담배의 식물 세포 배양물 또한 숙주로서 활용될 수 있다. 식물 세포 배양에서의 단백질 발현에서 유용한 클로닝 및 발현 벡터들은 당업자에게 알려져 있다. 예컨대, Hiatt *et al.*, Nature (1989) 342: 76-78, Owen *et al.* (1992) Bio/Technology 10: 790-794, Artsaenko *et al.* (1995) The Plant J 8: 745-750, 및 Fecker *et al.* (1996) Plant Mol Biol 32: 979-986 참조.

[0289] 그러나, 가장 관심있는 것은 척추동물 세포 및 배양물 중의 척추동물세포의 증식(조직 배양)이 일반적 과정이 된다. 유용한 포유동물 숙주세포주의 예는 SV40에 의해 형질감염된 원숭이 신장 CV1 세포주 (COS-7, ATCC CRL 1651); 인간 배아 신장 세포주 (현탁 배양액 중의 성장에 대해 서브클로닝된 293 또는 293 세포주, Graham *et al.*, J. Gen Virol. 36 : 59 (1977)); 아기 햄스터 신장 세포 (BHK, ATCC CCL 10); 중국 햄스터 난소 세포/-DHFR (CHO, Urlaub *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77: 4216 (1980)); 마우스 세르토리 세포(TM4, Mather, Biol. Reprod. 23: 243-251 (1980)); 원숭이 신장 세포 (CV1 ATCC CCL 70); 아프리카 녹색 원숭이 신장 세포 (VERO-76, ATCC CRL1587); 인간 자궁경부암종 (HELA, ATCC CCL 2); 개 신장 세포 (MDCK, ATCC CCL 34); 버팔로 랫트 간 세포 (BRL 3A, ATCC CRL 1442); 인간 폐 세포 (W138, ATCC CCL 75); 인간 간 세포 (Hep G2, 1413 8065); 마우스 유방 종양 (MMT 060562, ATCC CCL5 1); TRI 세포 (Mather *et al.*, Annals N. Y Acad. Sci. 383 : 44-68 (1982)); MRC 5 세포; FS4 세포; 및 인간 간종양 세포주 (Hep G2)이다.

[0290] 제조합 기술을 이용할 때, 본 발명의 결합 분자는 세포내에서, 주변세포질 공간 내에서 생산되거나, 또는 배지

로 직접 분리될 수 있다. 결합 분자가 세포내에서 생산되는 경우, 첫 번째 단계로서, 침전물 찌꺼기, 숙주세포 또는 용해된 단편들이, 예를 들어, 원심분리 또는 초미세여과에 의해 제거된다. Carter *et al.*, Bio/Technology 10: 163-167 (1992)는 *E. coli*의 주변세포질 공간 내로 분리되는 항체들을 분리하는 과정을 기술한다. 요약하면, 세포 페이스트를 소듐 아세테이트(pH 3.5), EDTA, 및 페닐메틸설포닐플루오라이드 (PMSF)의 존재 중에서 약 30분에 걸쳐 녹인다. 세포 잔해물을 원심분리에 의해 제거한다. 항체가 배지로 분리되는 경우, 그러한 발현 시스템으로부터의 상층액을 일반적으로 상업적으로 입수가 가능한 단백질 농축 필터, 예를 들어, Amicon 또는 Millipore Pellicon 초미세여과 유닛을 이용하여 먼저 농축시킨다. PMSF과 같은 단백질 저해제를 앞서 언급한 임의의 단계에 포함시켜 단백질분해를 저해할 수 있으며 항생제를 포함시켜 우발적인 오염원의 성장을 예방할 수 있을 것이다.

[0291] 숙주세포로부터 제조된 본 발명의 결합 분자는 예를 들어, 하이드록시아파타이트 크로마토그래피, 겔 전기영동, 투석 및 친화성 크로마토그래피를 이용하여 정제될 수 있으며, 친화성 크로마토그래피가 바람직한 정제 기술이다.

[0292] 친화성 리간드가 부착되는 매트릭스는 가장 빈번하게는 아가로스이나, 다른 매트릭스도 이용가능하다. 조절된 포어 글라스 또는 폴리(스티렌디비닐)벤젠과 같은 기계적으로 안정한 매트릭스는 아가로스에 의해 달성될 수 있는 것에 비해 더 빠른 유속과 더 짧은 공정 시간을 허용한다. 본 발명의 결합 분자가 CH3 도메인을 포함하는 경우, Bakerbond ABXmresin (J. T. Baker, Phillipsburg, NJ)이 정제를 위해 유용할 수 있다. 회수되는 항체에 따라 이온-교환 컬럼 상에서의 분별, 에탄올 침전법, 역상 HPLC, 실리카 상의 크로마토그래피, 헤파린 SEPHAROSE™ 상의 크로마토그래피, 음이온 또는 양이온 교환 수지(폴리아스파르트산 컬럼과 같은) 상에서의 크로마토 그래피, 크로마토-포커싱, SDS-PAGE, 및 암모늄 설페이트 침전법과 같은 단백질 정제를 위한 다른 기술들도 또한 이용가능하다.

[0293] 또 다른 양태에서, 본 발명의 결합 분자의 생산 방법이 제공되며, 상기 생산 방법은 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 여기에서 정의된 숙주 세포를 배양하고 배양물로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함한다.

[0294] 용어 "배양"은 배지 중에서 적합한 조건 하에서의 세포의 인 비트로에서의 유지, 분화, 성장, 증식 및/또는 번식을 말한다.

[0295] 대체적인 구체예에서, 본 발명의 결합 분자 또는 본 발명의 방법에 따라 생산된 결합 분자를 포함하는 조성물이 제공된다. 바람직하게는 상기 조성물은 약학적 조성물이다.

[0296] 여기에서 사용된, 용어 "약학적 조성물"은 환자, 바람직하게는 인간 환자에 투여를 위한 조성물에 관한 것이다. 특히 바람직한 본 발명의 약학 조성물은 본 발명의 결합 분자를 포함한다. 바람직하게는 약학 조성물은 담체, 안정화제 및/또는 부형제의 적합한 제제를 포함한다. 바람직한 구체예에서, 약학 조성물은 비경구, 경피, 체강내(intraluminal), 동맥내, 척수관내 및/또는 비강내 투여를 위한 또는 조직으로의 직접 주사를 위한 조성물을 포함한다. 상기 조성물은 주입 또는 주사를 통해 환자에게 투여되는 것이 특히 고려된다. 적합한 조성물의 투여는 상이한 방식에 의해, 예컨대, 정맥내, 복강내, 피하, 근육내, 국소 또는 피내 투여에 의해 이루어질 수 있다. 특히, 본 발명은 적합한 조성물의 중단되지 않는 투여에 대해 제공된다. 비제한적 예로서, 중단되지 않는, 즉, 연속적인 투여는 환자의 체내로 치료제의 유입을 계속하기 위한 환자에게 장착된 작은 펌프 시스템에 의해 실현될 수 있다. 본 발명의 결합 분자를 포함하는 약학 조성물은 상기 펌프 시스템을 이용함으로써 투여될 수 있다. 그러한 펌프 시스템은 당업계에 일반적으로 알려져 있으며, 통상적으로 주입되는 치료제를 포함하는 카트리지의 주기적인 교환에 의존한다. 그러한 펌프 시스템에서 카트리지를 교환할 때 환자의 체내로의 치료제의 그렇지 않았다면 중단되지 않는 흐름의 일시적인 중단이 뒤따를 수 있다. 그러한 경우에서, 카트리지 교체

이전의 투여 단계 및 카트리지 교체 후 투여의 단계는 본 발명의 약학적 수단 및 방법의 의미 내에서 그러한 치료제의 하나의 "중단되지 않는 투여"를 함께 이루는 것으로 여전히 고려될 것이다.

[0297]

본 발명의 이들 결합 분자의 연속적인 또는 중단되지 않는 투여는 저장소 밖으로 유체를 운반하기 위한 유체 운반 기구 및 상기 운반 기구를 작동시키기 위한 작동 기구를 포함하는 유체 전달 장치 또는 작은 펌프 시스템에 의해 정맥내 또는 피하로 투여될 수 있다. 피하 투여용 펌프 시스템은 환자의 피부를 관통하여 환자의 신체에 적합한 조성물을 전달하기 위한 니들 또는 캐논리를 포함할 수 있다. 상기 펌프 시스템은 환자의 정맥, 동맥 또는 혈관과 독립적으로 환자의 피부에 직접 고정되거나 부착되어 상기 펌프 시스템 및 환자의 피부 사이의 직접적인 접촉을 허용할 수 있다. 상기 펌프 시스템은 24시간에서 수일까지 동안 환자의 피부에 부착될 수 있다. 상기 펌프 시스템은 작은 부피에 대한 저장소를 갖는 작은 크기일 수 있다. 비제한적인 예로서, 투여되는 적합한 약학 조성물에 대한 저장소의 부피는 0.1 내지 50 ml일 수 있다.

[0298]

연속적 투여는 피부에 작용되고 간격을 두고 교체되는 패치에 의한 경피 투여일 수 있다. 당업자는 이러한 목적에 적합한 약물 전달용 패치 시스템을 알고 있다. 첫 번째 소진된 패치의 교체가 유리하게도, 예를 들어, 첫 번째 소진된 패치와 바로 인접한 피부 표면 상에 그리고 첫 번째 소진된 패치의 제거 직전에, 새로운 두 번째 패치의 배치와 동시에 수행될 수 있으므로, 경피 투여는 특히 중단되지 않는 투여를 잘 처리할 수 있다는 점이 중요하다. 본 발명의 조성물은 추가로 약학적으로 허용가능한 담체를 포함할 수 있다. 적합한 약학적 담체의 예는 당업계에 잘 알려져 있으며, 인산 완충 식염수 용액, 물, 오일/물 에멀전과 같은 에멀전, 다양한 유형의 습윤제, 멸균 용액, 리포솜 등을 포함한다. 그러한 담체를 포함하는 조성물은 잘 알려진 통상의 방법에 의해 제제화될 수 있다. 제제화는 카보하이드레이트, 완충 용액, 아미노산 및/또는 계면활성제를 포함할 수 있다. 카보하이드레이트는 비환원당, 바람직하게는 트레할로스, 수크로스, 옥타설페이트, 소르비톨 또는 자일리톨일 수 있다. 일반적으로, 여기에서 사용된 "약학적으로 허용가능한 담체"는 약학적 투여에 적합한, 임의의 모든 용매, 현탁 매질, 코팅제, 항균제 및 항진균제, 등장제 및 흡수 지연제를 포함한다. 약학적 활성 성분에 대한 그러한 매질 및 시약의 사용은 당업계에 잘 알려져 있다. 허용가능한 담체, 부형제 또는 안정화제는 사용된 투여량 및 농도에서 수령자에게 비독성이며 다음을 포함한다: 추가의 완충 시약; 보존제; 공용매; 아스코르브산 및 메티오닌을 포함하는 항산화제; EDTA와 같은 킬레이팅제; 금속 복합체(예컨대, Zn-단백질 복합체); 폴리에스테르와 같은 생분해성 폴리머; 소듐, 다가 당 알코올과 같은 염-형성 반대이온; 알라닌, 글라이신, 아스파라긴, 2-페닐알라닌 및 트레오닌과 같은 아미노산; 트레할로스, 수크로스, 옥타설페이트, 소르비톨 또는 자일리톨 스타키오스, 만노오스, 소르보스, 자일로스, 리보오스, 마이오이니시토스(myoinisitolose), 갈락토오스, 락티톨, 리비톨, 마이오이니시톨, 갈락티톨, 글리세롤, 사이클리톨(예컨대, 이노시톨), 폴리에틸렌 글리콜과 같은 당 또는 당 알코올; 글루타티온, 티옥산, 소듐 티오글리콜레이트, 티오글리세롤, [알파]-모노티오글리세롤, 및 소듐 티오설페이트와 같은 황 함유 환원제; 인한 혈청 알부민, 소 혈청 알부민, 젤라틴 또는 기타 이뮤노글로불린과 같은 저분자량 단백질; 및 폴리비닐피롤리돈과 같은 친수성 폴리머. 그러한 제제는 펌프 시스템과 함께 및/또는 없이 정맥 내 또는 피하일 수 있는 연속 투여를 위해 사용될 수 있다. 아미노산은 하전된 아미노산, 바람직하게는 리신, 리신 아세테이트, 아르기닌, 글루타메이트 및/또는 히스티딘일 수 있다. 계면활성제는 바람직하게는 >1.2 KD의 분자량을 갖는, 세제 및/또는 바람직하게는 >3 KD의 분자량을 갖는, 폴리에테르일 수 있다. 바람직한 세제에 대한 비제한적인 예는 트윈 20, 트윈 40, 트윈 60, 트윈 80 또는 트윈 85일 수 있다. 바람직한 폴리에테르에 대한 비제한적인 예는 PEG 3000, PEG 3350, PEG 4000 또는 PEG 5000일 수 있다. 본 발명에서 사용된 완충 시스템은 바람직하게는 5-9의 pH를 가질 수 있으며, 시트레이트, 숙시네이트, 포스페이트, 히스티딘 및 아세테이트를 포함할 수 있다.

[0299]

본 발명의 조성물은 비-침팬지 영장류, 예를 들어 마카크에 대해 여기에서 기술된 중간 특이성을 나타내는 본 발명의 폴리펩티드의 증가하는 투여량을 투여함에 의해 예컨대 용량 확대 연구에 의해 결정될 수 있는 적합한 투여량으로 대상체에게 투여될 수 있다. 앞서 언급한 바와 같이, 여기에서 기술된 중간 특이성을 나타내는 본 발명의 결합 분자는 비침팬지 영장류에서 전임상 시험에서와 동일한 형태로 유리하게 사용될 수 있고 인간에서 약물로서 사용될 수 있다. 이들 조성물은 또한 다른 단백질성 및 비단백질성 약물과 조합하여 투여될 수 있다. 이들 약물을 여기에서 정의된 본 발명의 폴리펩타이드를 포함하는 조성물과 동시에 또는 상기 폴리펩타이드의 투여 전 또는 후에 분리하여 정해진 시간 간격과 용량으로 투여될 수 있다. 투여량 요법은 주치의와 임상적

인자에 의해 결정될 수 있을 것이다. 임의의 한 환자에 대한 투여량은 환자의 크기, 신체 표면적, 나이, 투여받고 있는 특정 화합물, 성별, 투여의 시간 및 경로, 일반적 건강, 및 동시에 투여되는 다른 약물을 포함한 많은 인자들에 의존된다는 점은 의학 분야에서 잘알려져 있다.

[0300] 비경구 투여용 제제는 멸균 수성 및 비수성 용액, 현탁액, 및 에멀전을 포함한다. 비수성 용매의 예는 프로필렌 글리콜, 폴리에틸렌 글리콜, 올리브유와 같은 식물유, 및 에틸 올레이트와 같은 주사가 가능한 유기 에스테르를 포함한다. 수성 담체는 식염수 및 완충 매질을 포함하여, 물, 알코올성/수성 용액, 에멀전 또는 현탁액을 포함한다. 비경구 비히클은 소듐 클로라이드 용액, 링거 텍스트로스, 텍스트로스 및 소듐 클로라이드, 유산 링거액, 또는 불휘발성유를 포함한다. 정맥내 비히클은 유체 및 영양 보충제, 전해질 보충제(링거 텍스트로스에 기초한 것들과 같은) 등을 포함한다. 예를 들어, 항미생물제, 항산화제, 킬레이팅제, 불활성 가스 등과 같은 보존제 및 기타 첨가제 또한 존재할 수 있다. 또한, 본 발명의 조성물은 예컨대, 바람직하게는, 인간 기원의, 혈청 알부민 또는 이뮤노글로불린과 같은 단백질성 담체를 포함할 수 있다. 본 발명의 조성물은 여기에서 정의된 본 발명의 폴리펩타이드에 더하여 추가로 조성물의 의도된 용도에 따른 추가의 생물학적 활성제를 포함할 수 있는 것으로 고려된다. 그러한 활성제는 위장관계에 작용하는 약물, 세포정지제(cytostatica)로 작용하는 약물, 고요산혈증을 예방하는 약물, 면역응을 저해하는 약물(예컨대, 코르티코스테로이드), 염증 반응을 조절하는 약물, 순환계에 작용하는 약물 및/또는 당업계에 알려진 사이토카인과 같은 물질일 수 있다. 본 발명의 결합 분자는 또한 동시-요법, 즉 다른 항암 의약과 함께 조합하여 적용되는 것이 또한 고려된다.

[0301] 여기에서 정의된 약학적 조성물의 생물학적 활성은 하기 실시예, WO 99/54440 또는 Schlereth *et al.* (Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12)에서 기술하고 있는 바와 같은, 예를 들어 세포독성 어세이에 대해 측정될 수 있다. 여기에서 사용된 "효능" 또는 "인 비보 효능"은 예컨대, 표준화된 NCI 반응 기준을 이용하여 본 발명의 약학적 조성물에 의한 치료법에 대한 반응을 말한다. 본 발명의 약학적 조성물을 이용한 치료법의 성공 또는 인비보 효능은 그의 의도된 목적에 대한 조성물의 효과, 즉 그의 원하는 효과, 즉, 병리학적 세포, 즉 종양세포의 감소를 야기하는 조성물의 능력을 말한다. 인 비보 효능은 이에 제한되는 것은 아니나 백혈구 계수, 감별, FACS(Fluorescence Activated Cell Sorting), 골수천자를 포함한, 각각의 질병의 실체에 대한 확립된 표준 방법에 의해 모니터링 될 수 있다. 추가로, 다양한 질환 특이적 임상적 화학 파라미터 및 기타 확립된 표준 방법들이 사용될 수 있다. 나아가, 컴퓨터-보조 토모그래피, X-레이, 핵자기공명 토모그래피(예컨대, National Cancer Institute-기준 기초의 반응 평가 [Cheson BD, Horning SJ, Coiffier B, Shipp MA, Fisher RI, Connors JM, Lister TA, Vose J, Grillo-Lopez A, Hagenbeek A, Cabanillas F, Klippensten D, Hiddemann W, Castellino R, Harris NL, Armitage JO, Carter W, Hoppe R, Canellos GP. Report of an international workshop to standardize response criteria for non-Hodgkin's lymphomas. NCI Sponsored International Working Group. J Clin Oncol. 1999 Apr;17(4):1244]에 대해), 양전자 방사 단층 촬영 스캐닝, 백혈구 계수, 감별, FACS(Fluorescence Activated Cell Sorting), 골수천자, 림프절 생검/조직학, 및 다양한 림프종 특이적 임상적 화학 파라미터(예컨대, 락테이트 디하이드로게네이즈) 및 기타 확립된 표준 방법들이 사용될 수 있다.

[0302] 본 발명의 약학 조성물과 같은 약물의 개발에서의 또 다른 주요 도전은 약동학적 특성의 예측가능한 조절이다. 이 측면에서 약물 후보의 약동학적 프로파일, 즉, 주어진 상태를 치료하는 특정 약물의 능력에 영향을 미치는 약동학적 파라미터의 프로파일이 확립될 수 있다. 특정 질환 실체를 치료하기 위한 약물의 능력에 영향을 미치는 약물의 약동학적 파라미터는, 이에 제한되는 것은 아니나, 반감기, 분포 용적, 간 초회 통과 대사 및 혈액 혈청 결합의 정도를 포함한다. 주어진 약물의 효능은 상기 언급된 각각의 파라미터에 의해 영향을 받을 수 있다.

[0303] "반감기"는 투여된 약물의 50%가 생물학적 과정, 예컨대, 대사, 분비 등을 통해 제거되는 시간을 의미한다.

[0304] "간 초회 통과 대사(hepatic first-pass metabolism)"는 약물이 간과 첫 번째 접촉할 때, 즉 간을 처음으로 통과하는 동안 약물이 대사되는 경향을 의미한다.

[0305] "분포 용적"은 예컨대, 세포내 및 세포외 공간, 조직 및 기관 등과 같은 신체의 다양한 구획을 통한 약물의 보

유 정도 및 이들 구획 내의 약물의 분포를 의미한다.

- [0306] "혈액 혈청 결합의 정도"는 알부민과 같은 혈액 혈청 단백질과 상호작용 및 결합하여 약물의 생물학적 활성의 감소 또는 손실을 이끄는 약물의 경향을 의미한다.
- [0307] 약동학적 파라미터는 또한 생체이용율, 지연 시간 (Tlag), Tmax, 흡수율, 더 많은 발병 및/또는 투여되는 약물의 주어진 양에 대한 Cmax를 포함한다. "생체이용율"은 혈액 구획 내 약물의 양을 의미한다. "지연 시간"은 약물의 투여와 그의 탐지 및 혈액 또는 혈장 중의 가측성 간의 시간 지연을 의미한다.
- [0308] "Tmax"는 약물의 최대 혈중 농도가 도달된 후의 시간이고, "Cmax"는 주어진 약물로 최대 얻어진 혈중 농도이다. 그의 생물학적 효과에 대해 요구되는 약물의 혈액 또는 조직 동도에 도달하는 시간은 모든 파라미터에 의해 영향을 받는다. 상기 개략된 바와 같이 비침팬지 영장류의 전임상 동물 시험에서 결정될 수 있는 중간 특이성을 나타내는 이중특이적 단일체 항체의 약동학적 파라미터는 예컨대, Schlereth *et al.* 에 의한 문헌(Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12)에서 언급하고 있다.
- [0309] 여기에서 사용된 용어 "독성"은 유해 사례 또는 심각한 유해 사례에서 나타난 약물의 독성 효과를 말한다. 이들 부작용은 투여후 일반적인 약물의 내약성의 결여 또는 국소적 용인의 결여로 말할 수 있다. 독성은 또한 약물에 의해 야기된 기형발생 또는 암종발생 효과를 포함할 수 있다.
- [0310] 여기에서 사용된 용어 "안전성", "인 비보 안정성", "내약성"은 약물의 투여 직후(국소적 용인) 및 약물의 장기 간의 적용 후 심각한 유해 사례가 없는 약물의 투여를 정의한다. "안전성", "인 비보 안정성", "내약성"은 예컨대, 치료와 추적관찰 기간 동안 규칙적인 간격으로 평가할 수 있다. 측정은 임상적 평가, 예컨대, 장기 소견 및 실험실적 비정상성의 스크리닝을 포함한다. 임상적 평가가 수행되며 정상 소견에 대한 일탈이 NCI-CTC 및/또는 MedDRA 표준에 따라 기록된/코드된다. 장기 소견은 예컨대, Common Terminology Criteria for adverse events v3.0(CTCAE)에서 제시한 바와 같은 알러지/면역학, 혈액/골수, 심장 부정맥, 응집 등과 같은 판단기준을 포함한다. 시험될 수 있는 실험실적 파라미터는 예를 들어 혈액학, 임상 화학, 응집 프로파일 및 뇨 분석, 그리고 혈청, 혈장, 림프액 또는 척수액, 액 등과 같은 다른 체액의 시험을 포함한다. 따라서, 안전성은 물리적 실험, 이미징 기술(즉, 초음파, x-레이, CT 스캔, 자기공명영상(MRI)), 기술적 장비로의 다른 측정(즉, 심전도), 활력징후에 의해, 실험적 파라미터를 측정하고 유해 사례를 기록함으로써 평가될 수 있다. 예를 들어, 본 발명에 따른 용도 및 방법에서의 비침팬지 영장류에서의 유해 사례는 조직병리학적 및/조직화학적 방법에 의해 시험될 수 있다.
- [0311] 용어 "유효 용량" 또는 "유효 투여량"은 원하는 효과를 달성 또는 적어도 부분적으로 달성하기에 충분한 양으로 정의된다. 용어 "치료상 유효 용량"은 이미 그 병을 앓고 있는 환자에서 병을 치료 또는 적어도 부분적으로 막기에 충분한 양으로서 정의된다. 이러한 용도를 위해 효과적인 양은 감염의 중증도 및 환자 자신의 면역계의 일반적 상태에 따라 의존될 수 있다. 용어 "환자"는 예방적 또는 치료적 처치를 받는 인간 및 다른 포유동물 대상을 포함한다.
- [0312] 여기에서 사용된 용어 "유효 및 비독성 용량"은 주된 독성 효과 없이 또는 필수적으로 없이 병리학적 세포의 고갈, 종양 제거, 종양 수축 또는 질환의 안정화를 야기하기에 충분히 높은 본 발명의 결합 분자의 용인가능한 용량을 말한다. 그러한 유효 및 비독성 용량은 예컨대 당업계에서 기술된 용량 확대(dose escalation) 연구에 의해 결정될 수 있으며, 심각한 유해 사례를 유도하는 용량 아래여야 한다 (용량 제한 독성(dose limiting toxicity, DLT)).

- [0313] 상기 용어들은 또한 예컨대, Preclinical safety evaluation of biotechnology-derived pharmaceuticals S6; ICH Harmonised Tripartite Guideline; ICH Steering Committee meeting on July 16, 1997를 참고한다.
- [0314] 본 발명의 결합 분자의 적당한 투여량, 또는 치료상 유효량은 치료될 상태, 상태의 중증도, 이전 치료법, 및 환자의 임상적 경력 및 치료제에 대한 반응에 의존할 것이다. 적당한 용량은 의사의 판단에 따라 1회 또는 그 이상의 일련의 투여로 환자에게 투여될 수 있도록 조절될 수 있다. 약학적 조성물은 필요에 따라 단독 치료법으로 또는 항암 요법과 같은 추가의 치료법과 조합하여 투여될 수 있다.
- [0315] 본 발명의 약학 조성물은 특히, 비경구 투여, 즉 피하, 근육내, 정맥내, 관절 내 및/또는 윤활낭내 투여를 위해 유용하다. 비경구 투여는 일시 주사 또는 연속적 주입에 의할 수 있다.
- [0316] 약학적 조성물이 동결건조되는 경우, 동결건조된 물질은 우선 투여 전에 적당한 액체 중에서 재구성된다. 동결건조된 물질은 예컨대, 주사를 위한 세균발육억제수(bacteriostatic water for injection (BWFI)), 생리식염수, 포스페이트 완충 식염수(PBS) 또는 동결건조되기 이전의 단백질의 동일 제제 중에서 재구성될 수 있다.
- [0317] 바람직하게는, 본 발명의 결합 분자 또는 본 발명의 제조방법에 의해 생산된 결합 분자는 증식성 질환 종양성 질환 또는 면역학적 장애로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선에 사용된다.
- [0318] 본 발명의 대체적인 구체에는 본 발명의 결합 분자 또는 본 발명의 제조방법에 의해 생산된 결합 분자를 이를 필요로 하는 환자에게 투여하는 단계를 포함하는 증식성 질환 종양성 질환 또는 면역학적 장애로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선 방법을 제공한다.
- [0319] 여기에서 기술된 제제는 그를 필요로 하는 환자에서 여기에서 기술된 병리학적 의학적 상태의 치료, 개선 및/또는 예방에서 약학적 조성물로서 유용하다. 용어 "치료"는 치료적 처리 및 방지 및 예방책 모두를 말한다. 치료는 질병/장애, 질병/장애의 증상 또는 질병/장애에 대한 소인을 갖는 환자의 몸, 단리된 조직, 또는 세포에 제제를 질병/장애, 질병/장애의 증상 또는 질병/장애에 대한 소인을 낮게 하거나, 치유, 완화, 경감, 변화, 구제, 개선, 향상, 또는 영향을 미칠 목적으로 적용 또는 투여하는 것을 포함한다.
- [0320] "치료가 필요한" 이들은 이미 그 장애를 갖고 있는 이들뿐만 아니라 그 장애가 예방되기 위한 이들도 포함한다. 용어 "질환"은 여기에서 기술된 단백질 제제로의 치료로 혜택을 받는 임의의 상태이다. 이는 포유동물이 문제의 그 질병에 취약하게 하는 이들 병리학적 상태를 포함하는 만성 및 급성 장애 또는 질환을 포함한다. 여기에서 치료되는 질병/장애의 비제한적 예는 증식성 질환, 종양성 질환 또는 면역학적 장애를 포함한다.
- [0321] 바람직하게는, 본 발명의 결합 분자는 형질세포 장애 및/또는 자가면역 질환과 같은 BCMA (과)발현과 연관된 B 세포장애의 예방, 치료 또는 개선을 위한 것이다. 상기 자가면역 질환은, 예를 들어 전신홍반성 낭창 또는 류마티스 관절염이다.
- [0322] 또한, 본 발명의 결합 분자를 이를 필요로 하는 대상체에 투여하는 것을 포함하는, 형질세포 장애 및/또는 자가면역 질환과 같은 BCMA (과)발현과 연관된 B 세포장애의 치료 또는 개선 방법이 제공된다. 상기 자가면역 질환은, 예를 들어 전신홍반성 낭창 또는 류마티스 관절염이다.
- [0323] 형질세포 장애에서, 형질세포의 단일 클론은 제어할 수 없게 크게 증식된다. 그 결과, 이 클론은 M-단백질로 알려진 막대한 양의 단일(단일클론) 항체를 생산한다. 단일클론 감마병증을 갖는 것과 같은, 일부 경우에서, 생산된 항체는 오직 경쇄 또는 중쇄만으로 이루어져 불완전하다. 이들 비정상적인 형질세포 및 그들이 생산한 항체들은 대개 하나의 타입으로 제한된다. 바람직하게는, 형질세포 장애는 다발성 골수종(multiple myeloma), 형질

세포종(plasmacytoma), 형질세포성 백혈병(plasma cell leukemia), 마크로글로불린혈증(macroglobulinemia), 아밀로이드증(amyloidosis), 발덴스트롬 마크로글로불린혈증(Waldenstrom's macroglobulinemia), 고립골 형질 세포종(solitary bone plasmacytoma), 골수의 형질세포종(extramedullary plasmacytoma), 골경화성 골수종(osteosclerotic myeloma), 중쇄병(heavy chain diseases), 의미불확정 단일클론 감마병증(monoclonal gammopathy of undetermined significance), 및 무증상 다발골수종(smoldering multiple myeloma)으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[0324] 또다른 양태에서, 본 발명의 결합 분자, 본 발명의 핵산 분자, 본 발명의 벡터 또는 본 발명의 숙주세포를 포함하는 키트가 제공된다. 상기 키트는 결합 분자를 함유하는 하나 이상의 바이알 및 사용 지시서를 포함할 수 있다. 상기 키트는 또한 본 발명의 결합 분자를 투여하기 위한 시린지, 펌프, 인퓨저 등과 같은 수단, 본 발명의 결합 분자를 재구성하기 위한 수단 및/또는 본 발명의 결합 분자를 회식하기 위한 수단을 포함한다.

[0325] 추가로, 본 발명은 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA에 결합할 수 있는 결합 분자, 바람직하게는 항체의 생성을 위한 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3의 용도에 관한 것이다. BCMA의 에피토프 클러스터 3은 바람직하게는 서열번호: 1002에 나타낸 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41에 상응한다.

[0326] 또한, 본 발명은 다음을 포함하는 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA에 결합할 수 있는, 항체, 바람직하게는 이중특이적 결합 분자의 생성 방법을 제공한다:

[0327] (a) BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3을 포함하는 폴리펩타이드로 동물을 면역화시키고,

[0328] (b) 상기 항체를 얻고,

[0329] (c) 선택적으로 상기 항체를 인간 BCMA 및 바람직하게는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 이중특이적 결합 분자로 전환시키는 것을 포함하며,

[0330] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002에 나타낸 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41에 상응한다.

[0331] 바람직하게는, 단계(b)는 얻어진 항체를 다음과 같이 시험하는 것을 포함한다:

[0332] 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 무린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 3이 무린 에피토프 클러스터 3으로 대체되어 있는, 인간 BCMA를 포함하는 구조체가 생성; 서열번호: 1011 참조), 항체의 결합에 감소가 발생할 것이다. 상기 감소는 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터에 결합하는 것을 100%로 예정할 때, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터와 비교하여 바람직하게는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%; 보다 바람직하게는 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 100%이다. 앞서 언급한 인간 BCMA/무린 BCMA 키메라는 CHO 세포에서 발현되는 것이 고려된다. 또한 적어도 하나의 인간 BCMA/무린 BCMA 키메라는 EpCAM과 같은 상이한 막-결합 단백질의 막관통 도메인 및/또는 세포질성 도메인과 융합되는 것이 고려된다; 도 2a 참조.

[0333] 비-인간 (예컨대, 무린) BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로의 교체로 인한 결합의 이러한 손실을 시험하는 방법은 첨부된 실시예, 특히 실시예 1-3에 기재되어 있다.

[0334] 상기 방법은 추가로 항체가 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합하는지 그리고 추가로 *Macaca mulatta*(서열번호:1017) 또는 *Macaca fascicularis* (서열번호:1017)와 같은 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 3에 결합할 수 있는지를 시험하는 것을 포함할 수 있다.

[0335] 본 발명은 또한 서열번호: 1-1000 및 1022-1093에서 볼 수 있는 아미노산 서열 중 어느 하나를 포함하는 결합 분자를 제공한다. 바람직하게는, 결합 분자는 "BCMA-(X)"로 명명된 결합 분자로부터의 세 개의 VH CDR 서열 ("VH CDR1", "VH CDR2", "VH CDR3"로 명명, 첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조)(여기에서 X는 1-100이다 (첨부된 서열 표의 2번째 컬럼 참조) 및/또는 BCMA-X로 명명된 결합 분자로부터의 세 개의 VL CDR 서열 ("VL CDR1",

"VH CDR2", "VH CDR3"로 명명, 첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조)(여기에서 X는 1-100이다 (첨부된 서열 표의 2번째 컬럼 참조))를 포함한다.

[0336] 바람직하게는, 결합 분자는 "BCMA-(X)"로 명명된 결합 분자로부터의 세 개의 VH CDR 서열 ("VH CDR1", "VH CDR2", "VH CDR3"로 명명, 첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조)(여기에서 X는 1-100이다 (첨부된 서열 표의 2번째 컬럼 참조) 및/또는 BCMA-X로 명명된 결합 분자로부터의 세 개의 VL CDR 서열 ("VL CDR1", "VH CDR2", "VH CDR3", 첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조)(여기에서 X는 1-100이다 (첨부된 서열 표의 2번째 컬럼 참조))를 포함한다.

[0337] 바람직하게는, 결합 분자는 첨부된 서열 표에서 주어진 바와 같은 VH 및/또는 VL 서열을 포함한다 (첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조: "VH" 및 "VL").

[0338] 바람직하게는, 결합 분자는 첨부된 서열 표에서 주어진 바와 같은 scFv 서열을 포함한다 (첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조: "scFv").

[0339] 바람직하게는, 결합 분자는 첨부된 서열 표에서 주어진 바와 같은 이중특이적 분자 서열을 포함한다 (첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조: "이중특이적 분자").

[0340] 본 발명은 또한 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는, 적어도 두 개의 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 결합제에 관한 것으로, 여기에서 상기 제1 결합 도메인은 B 세포 성숙 항원 BCMA에 결합하고 상기 제2 결합 도메인은 CD3에 결합하며 (항목 1), 또한 하기 항목들(GI)을 포함한다:

[0341] 항목 2. 상기 제1 결합 도메인이 BCMA 의 세포외 도메인에 결합하고 상기 제2 결합 도메인이 CD3의 ϵ 쇄에 결합하는 일반 항목 1의 이중특이적 결합제.

[0342] 항목 3. 전장 항체 또는 항체 단편의 형태인 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.

[0343] 항목 4. 상기 제1 BCMA-결합 도메인이 마우스로부터 유래하고 제2 CD3-결합 도메인이 랫드로부터 유래한 것인 전장 항체의 형태의 항목 3의 이중특이적 결합제.

[0344] 항목 5. 동일한 폴리펩타이드 쇄 상에서 경쇄 가변 도메인에 연결된 중쇄 가변 도메인을 포함하며 두 개의 도메인들은 쌍을 이루지는 않는 디아바디 형태의 항체 단편의 형태인 항목 3의 이중특이적 결합제.

[0345] 항목 6. 링커 펩타이드를 통해 또는 인간 혈청 알부민 분자에 의해 연결된 두 개의 scFv 분자로 이루어진 이중특이적 단일쇄 항체의 형태인 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.

[0346] 항목 7. N-말단에서 C-말단으로 중쇄 영역 (VH) 및 상응하는 가변 경쇄 영역 (VL)이 다음 순으로 배열되어 있는 항목 6의 이중특이적 결합제:

[0347] VH(BCMA)-VL(BCMA) -VH(CD3)-VL(CD3),

[0348] VH(CD3)-VL(CD3) -VH(BCMA)-VL(BCMA) 또는

[0349] VH(CD3)-VL(CD3)-VL(BCMA)-VH(BCMA).

[0350] 항목 8. VHHs 또는 VHs로부터 선택되는 단일 도메인 이뮤노글로블린 도메인의 형태인 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.

- [0351] 항목 9. 적어도 하나의 결합 도메인은 인간 BCMA에 대해 특이적이고 적어도 하나의 결합 도메인은 인간 CD3에 특이적인, 적어도 두 개의 결합 도메인을 지닌 네 개의 항체 가변 도메인을 갖는 Fv 분자의 형태인 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0352] 항목 10. BCMA에 특이적인 제1 결합 도메인, 상기 제1 결합 도메인에 대해 C-말단에 위치하는 불변 서브-영역, 상기 불변 서브-영역에 대해 C-말단에 위치하는 스크로핑 링커, 및 상기 불변-서브 영역에 대해 C-말단에 위치하고, CD3에 대해 특이적인 제2 결합 도메인으로 이루어진 단일쇄 결합 분자의 형태인 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0353] 항목 11. 항체 또는 항체 단편의 두 개의 중쇄/경쇄 Fv를 통해 BCMA에 결합하고 상기 항체 또는 항체 단편의 중쇄 또는 경쇄의 비-CDR 루프로 조작된 결합 도메인을 통해 CD3에 결합하는 항체-유사 분자의 형태인 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0354] 항목 12. 이중특이적 안키린 반복 분자의 형태의 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0355] 항목 13. 상기 제1 결합 도메인은 항목 3 내지 12 중 어느 하나에 정의된 형태로부터 선택된 하나의 형태를 갖고, 상기 제2 결합 도메인은 항목 3 내지 12 중 어느 하나에 정의된 형태로부터 선택된 다른 형태를 갖는, 일반 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0356] 항목 14. 바이사이클릭 펩타이드인 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0357] 항목 15. 항목 1 내지 14 중 어느 하나에 따른 적어도 하나의 이중특이적 결합제를 함유하는 약학적 조성물.
- [0358] 항목 16. 형질세포 장애 또는 BCMA 발현과 연관된 다른 B 세포 장애의 치료 및 자가면역 질환의 치료를 위한 항목 1 내지 14 중 어느 하나의 이중특이적 결합제 또는 항목 15의 약학적 조성물.
- [0359] 항목 17. 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 다발골수종, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수외 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 무증상 다발골수종으로부터 선택되는 형질세포 장애의 치료를 위한 일반 항목 1 내지 14 중 어느 하나의 이중특이적 결합제 또는 일반 항목 15의 약학적 조성물.
- [0360] 상기 항목의 변경은 여기에 또한 포함된 EP-Nr. 10 191 418.2로부터 유도될 수 있다.
- [0361] 여기에서 본 발명은 특정한 방법론, 프로토콜, 또는 시약에 한정되지 않으며 그러한 것들은 다양하게 변할 수 있음을 이해할 것이다. 여기에서 제공된 논의 및 실시예들은 오로지 특정 구체예를 설명하기 위한 목적으로 제시되며 본 발명의 범위를 제한하는 것으로 의도되고, 본 발명의 범위는 오로지 청구항에 의해서만 정의된다.
- [0362] 전술 또는 후술되는, 본 명세서의 본문을 통해 이용된 모든 공개문헌 및 특허(모든 특허, 특허출원, 과학적 공개문헌, 제조사의 설명서, 지시서 등)는 그들 전체로서 참조로 여기에 포함된다. 본 발명이 선행 발명으로 인해 그러한 개시를 앞설 자격이 없다는 시인은 여기에는 전혀 없는 것으로 이해된다. 참조로서 포함된 문헌들이 본 명세서와 모순되거나 일치하지 않는다면 본 명세서는 그러한 문헌들을 대체할 것이다.

- [0363] **실시예:**
- [0364] 하기 실시예는 본 발명을 설명한다. 이들 실시예는 본 발명의 범위를 제한하는 것으로 이해되어서는 안된다. 하기 실시예는 설명하기 위한 목적으로 포함되며, 본 발명은 오로지 청구항에 의해서만 정해진다.
- [0365] **실시예 1**
- [0366] **키메라 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성**
- [0367] 키메라 에피토프 맵핑 분자를 구축하기 위하여, 인간 BCMA의 각각의 에피토프 도메인의 아미노산 서열 또는 단일 아미노산 잔기를 뮤린 서열로 바꾸었다. 다음의 분자가 구축되었다:
- [0368] ● 인간 BCMA ECD / E1 뮤린 (서열번호: 1009)
- [0369] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 1 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 1-7)은 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 1-4)로 교체된다.
- [0370] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 1-3의 결실 및 G6Q 변이
- [0371] ● 인간 BCMA ECD / E2 뮤린 (서열번호: 1010)
- [0372] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 2 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 8-21)는 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 5-18)로 교체된다.
- [0373] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 S9F, Q10H, 및 N11S 변이
- [0374] ● 인간 BCMA ECD / E3 뮤린 (서열번호: 1011)
- [0375] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 3 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 24-41)은 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 21-36)로 교체된다.
- [0376] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 31 및 32의 결실 및 Q25H, S30N, L35A, 및 R39P 변이
- [0377] ● 인간 BCMA ECD / E4 뮤린 (서열번호: 1012)
- [0378] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 4 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 42-54)는 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 37-49)로 교체된다.
- [0379] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 N42D, A43P, N47S, N53Y 및 A54T 변이
- [0380] ● 인간 BCMA ECD / E5 뮤린 (서열번호: 1013)
- [0381] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 22번 위치의 아미노산 잔기 (이소류신)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 뮤린 아미노산 잔기(리신, 19번 위치)로 교체된다.
- [0382] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 I22K 변이
- [0383] ● 인간 BCMA ECD / E6 뮤린 (서열번호: 1014)
- [0384] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 25번 위치의 아미노산 잔기 (글루타민)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 뮤린 아미노산 잔기(히스티딘, 22번 위치)로 교체된다.

- [0385] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 Q25H 변이
- [0386] ● 인간 BCMA ECD / E7 뮤린 (서열번호: 1015)
- [0387] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 30번 위치의 아미노산 잔기 (아르기닌)은 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 뮤린 아미노산 잔기 (프롤린, 34번 위치)로 교체된다.
- [0388] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 R39P 변이
- [0389] A) cDNA 구조체를 포유류 발현 벡터 pEF-DHFR내로 클로닝하고 CHO 세포 내로 안정하게 형질감염시켰다. 단일클론 항-인간 BCMA 항체를 이용한 FACS 어세이에서, CHO 세포에서 인간 BCMA이 발현됨을 입증하였다. 단일클론 항-마우스 BCMA-항체로 뮤린 BCMA 발현을 검증하였다. BCMA 항체의 사용된 농도는 PBS/2%FCS 중의 10 μ g/ml 이었다. 결합된 단일클론 항체를 항-랫트-IgG-Fcy-PE (PBS/2%FCS 중에서 1:100; Jackson-Immuno-Research #112-116-071)로 검출하였다. 음성 대조군으로, 첫 번째 항체를 대신하여 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)의 유세포 분석으로 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)로 분석하였다. 다른 항-BCMA 항체들로 유세포 분석 어세이를 수행하여 인간-뮤린 BCMA 키메라로 형질감염된 CHO 세포의 표면 발현을 분석하고 확정하였다 (도 2).
- [0390] B) 인간, 마카크, 마우스 및 인간/마우스 키메라 막관통 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성을 위하여, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의하여 인간, 마카크, 마우스 BCMA 및 인간-마우스 BCMA 키메라의 코딩 서열 (GenBank에 공개된 BCMA 서열, 등록 번호(accession numbers) NM_001192 [인간]; NM_011608 [마우스] 및 XM_001106892 [마카크])을 획득하였다. 상기 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 먼저 Kozak 부위 및 19 개 아미노산 번역글로불린 리더 펩타이드(leader 펩티드)의 코딩 서열, 뮤린 서열로 교체된 인간 서열의 각각의 에피토프 도메인을 갖는 키메라의 경우 뒤이은 프레임으로 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열을 함유하도록 유전자 합성 단편을 설계하였다.
- [0391] 인간 BCMA ECD / E4 뮤린 및 인간 BCMA 구조체를 제외하고, BCMA 단백질의 세포의 도메인의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이어 인간 EpCAM(아미노산 226-314; GenBank 등록번호 NM_002354로 공개된 서열)의 세포내 도메인이 그 뒤를 따랐다.
- [0392] 모든 코딩 서열 다음에 정지 코돈이 왔다. 적합한 제한 부위를 도입하기 위하여 유전자 합성 단편을 또한 설계하였다. 유전자 합성 단편을 pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum *et al.* Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술되어 있다)로 지정된 플라스미드로 클로닝하였다. 위에서 기술한 모든 공정을 표준 프로토콜에 따라 수행하였다 (Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001)). 구조체의 진핵세포 발현을 위하여, 각 항원에 대하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 클론을 DHFR 결합 CHO 세포에 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) Method Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라, DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토타렉세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다.
- [0393] **실시예 2**
- [0394] **2.1 HEK 293 세포에서 일시적인 발현**
- [0395] 제조사의 프로토콜에 따라 FreeStyle 293 발현 시스템 (Invitrogen GmbH, Karlsruhe, Germany)에서 형질감염 (transfection) 및 단백질 발현을 위하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 사용하였다. 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 얻었고, 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 상청액을 보관하였다.

[0396] **2.2 CHO 세포에서 안정한 발현**

[0397] 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 DHFR 결합 CHO 세포로 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) 방법 Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라 DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토틱세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다. 정지 배양(stationary culture)의 2 세대 후, 수확하기 전에 뉴클레오시드-프리 HyQ PF CHO 액체 쿡 배지(soy medium) (0.1 % 플루로닉 F - 68가 포함된 4.0 mM L-글루타민; HyClone이 포함된)로 7 일 동안 롤러 병(roller bottles)에서 세포를 성장시켰다. 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 보관하였다.

[0398] **2.3 단백질 정제**

[0399] 가용성 BCMA 단백질의 정제를 다음과 같이 실시하였다: 크로마토그래피를 위하여 Akta® Explorer System (GE Healthcare) 및 Unicorn® Software를 사용하였다. 제조사에 의해 제공된 프로토콜에 따라 ZnCl₂가 로딩된 Fracto겔 EMD chelate®(Merck)를 이용하여 고정된 금속 친화 크로마토그래피 ("IMAC")를 실시하였다. 버퍼 A (20 mM 소듐 포스페이트 버퍼 pH 7.2, 0.1 M NaCl)로 컬럼을 평형화하고 여과된 (0.2 μm) 세포 배양 상청액을 3 ml/min의 유속으로 컬럼 (10 ml)에 적용시켰다. 컬럼을 버퍼 A로 세척하여 결합되지 않은 샘플을 제거하였다. 다음의 공정에 따라, 버퍼 B (20 mM 소듐 포스페이트 버퍼 pH 7.2, 0.1 M NaCl, 0.5 M 이미다졸)의 2-단계 그라디언트를 이용하여 결합된 단백질을 용리하였다:

[0400] 단계 1: 6 컬럼 부피에 10 % 버퍼 B

[0401] 단계 2: 6 컬럼 부피에 100 % 버퍼 B

[0402] 추가 정제를 위하여 단계 2로부터 용리된 단백질 분획을 모았다. 모든 화합물은 리서치 등급(research grade)이었고 Sigma (Deisenhofen) 또는 Merck (Darmstadt)로부터 구입하였다.

[0403] 평형-버퍼(equi-buffer; HEK 세포에서 단백질 발현을 위한, 10 mM 시트레이트, 25 mM 리신-HCl, pH 7.2 및 CHO 세포에서 단백질 발현을 위한 PBS pH 7.4)로 평형된 HiLoad 16/60 Superdex 200 프랩 그레이드 컬럼 (prep grade column; GE/Amersham)상에서 겔 여과 크로마토그래피를 실시하였다. 검출을 위하여, 용리된 단백질 샘플 (유속 1 ml/min)에 표준 SDS-PAGE 및 웨스턴 블롯을 수행하였다. OD280 nm를 이용하여 단백질 농도를 검출하였다.

[0404] HEK 293 세포에서 일시적인 발현을 통하여 얻은 단백질을 면역화를 위하여 사용하였다. CHO 세포에서 안정한 발현을 통하여 얻은 단백질을 결합제의 선택 및 결합 측정을 위하여 사용하였다.

[0405] **실시예 3**

[0406] **뮤린 scFv-단편의 에피토프 클러스터링**

[0407] 인간/마카크 BCMA에 결합하는 scFv를 함유하는 크루드(crude), 비회석된 주변세포질 추출물 (periplasmic extract) 로, 인간 또는 뮤린 BCMA, 또는 키메라 BCMA 분자로 형질감염된 세포를 염색하였다. 1 μg/ml의 항-FLAG 항체 (Sigma F1804) 및 R-PE-표지된 항-마우스 Fc 감마-특이적 항체 (1:100; Dianova #115-116-071)로, 결합된 scFv를 검출하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 모든 항체를 회석하였다. 음성 대조군으로, 주변세포질 추출물 대신에 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)에서 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)에 의하여 분석하였다; 도 3 참조.

[0408] **실시예 4**

[0409] **가용성 인간 및 마카크 BCMA의 다른 재조합 형태의 조달**

[0410] A) 순서대로, 인간 및 마카크 BCMA의 가용성 융합 단백질, 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc 및 뮤린 알부민의 가용성 융합 단백질, 및 오로지 BCMA의 세포의 도메인을 포함하는 가용성 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서

열의 구축을 위하여, 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA (GenBank 등록 번호 NM_001192 [인간], XM_001106892 [붉은털 원숭이])의 코딩 서열, 인간 알부민, 인간 Fc γ 1 및 뮤린 알부민의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이 유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.

[0411] 인간 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음으로 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인 각각에 상응하는 아미노산 1 내지 54 및 1 내지 53을 포함하는, 인간 및 붉은털 원숭이(rhesus) (또는, 벵골 원숭이(Macaca mulatta)) BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편설계하였다.

[0412] 뮤린 IgG1과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 헥사히스티딘 tag의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0413] 뮤린 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로, 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 뮤린 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0414] 가용성 세포외 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA 각각의 세포외 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0415] cDNA 단편 또한 설계하여, 단편의 시작과 끝인 제한 부위를 도입하였다. 도입된 제한 부위, 5' 말단의 EcoRI 및 3' 말단의 SalI를 다음의 클로닝 공정에 활용하였다. pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum et al. 암 Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 EcoRI 및 SalI를 통하여 cDNA 단편을 클로닝하였다. 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라, 위에서 기술한 공정을 모두 수행하였다.

[0416] B) BCMA의 세포외 도메인만을 포함하는 가용성 단백질뿐 아니라, 순서대로 인간 및 마카크 BCMA, 및 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc, 뮤린 IgG1 Fc, 뮤린 IgG2a Fc, 뮤린 알부민, 랫트 IgG1 Fc, 랫트 IgG2b 및 랫트 알부민의 가용성 융합 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열을 구축하기 위하여, 위에서 기술한 인간 및 마카크 BCMA의 코딩 서열 및 인간 알부민, 인간 Fc γ 1, 뮤린 Fc γ 1, 뮤린 Fc γ 2a, 뮤린 알부민, 랫트 알부민, 랫트 Fc γ 1 및 랫트 Fc γ 2b의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.

[0417] 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 19개 아미노산 번역글로불린 리더 펩타이드의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 BCMA 단백질 각각의 세포외 도메인의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 각각의 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0418] IgG Fcs과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 19개 아미노산 번역글로불린 리더 펩타이드의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 BCMA 단백질 각각의 세포외 도메인의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열(인공 Ser1-Gly1-링커가 사용된 인간 IgG1 Fc 제외), 뒤이은 프레

임으로 IgG 각각의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0419] 가용성 세포의 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은 털 원숭이 BCMA 각각의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0420] 구조체의 클로닝을 위하여, 적합한 제한 부위를 도입하였다. cDNA 단편을 모두 pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum *et al.* 2001에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 클로닝하였다. 표준 프로토콜 (Sambrook, 2001)에 따라, 위에서 기술한 모든 공정을 수행하였다.

[0421] 다음의 구조체를 설계하여, 별개의 에피토프에 직접적인 패닝(panning)이 가능하게 하였다. 뮤린-인간 및 뮤린-마카크 BCMA 키메라 각각 및 뮤린 IgG1 Fc 및 뮤린 알부민 각각의 가용성 융합 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축을 위하여, 뮤린-인간 BCMA 키메라 및 뮤린-마카크 BCMA 키메라 (위에서 기술한 마우스, 인간 및 마카크 BCMA 서열)의 코딩 서열 및 뮤린 알부민 및 뮤린 Fc γ 1의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 뮤린-인간 및 뮤린-마카크 BCMA 키메라를 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의하여 인간 및 마카크 서열 각각으로 변이된 각각의 에피토프 도메인을 가지는 뮤린 BCMA (아미노산 1-49)의 cDNA 단편을 얻었다. 위에서 기술한 바와 표준 프로토콜 (Sambrook, 2001)에 따라, 구조체의 클로닝을 수행하였다.

[0422] 다음의 분자가 구축되었다:

- [0423] ● 아미노산 1-4 인간, 뮤린 IgG1 Fc
- [0424] ● 아미노산 1-4 인간, 뮤린 알부민
- [0425] ● 아미노산 1-4 붉은털 원숭이, 뮤린 IgG1 Fc
- [0426] ● 아미노산 1-4 붉은털 원숭이, 뮤린 알부민
- [0427] ● 아미노산 5-18 인간, 뮤린 IgG1 Fc
- [0428] ● 아미노산 5-18 인간, 뮤린 알부민
- [0429] ● 아미노산 5-18 붉은털 원숭이, 뮤린 IgG1 Fc
- [0430] ● 아미노산 5-18 붉은털 원숭이, 뮤린 알부민
- [0431] ● 아미노산 37-49 인간, 뮤린 IgG1 Fc
- [0432] ● 아미노산 37-49 인간, 뮤린 알부민
- [0433] ● 아미노산 37-49 붉은털 원숭이, 뮤린 IgG1 Fc
- [0434] ● 아미노산 37-49 붉은털 원숭이, 뮤린 알부민

[0435] 실시예 5

[0436] 5.1 인간 및 마카크 BCMA 및 CD3에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정

[0437] 인간 혈청 알부민 (ALB)이 있는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석 실험을 실시하여, BCMA 표적에 결합하는지 여부를 결정하였다. CD3 친화 측정을 위하여, 인간 항체 Fc 부분에 융합된 CD3 앵실론 (CD3e)의 N-말단 27개 아미노산을 가지는 재조합 융합 단백질을 이용하였다. 이 재조합 단백질은 이중특이적 항체에서 CD3 결합체의 에피토프가 있는 인간 CD3e1-27 버전 및 시노몰구스(cynomolgous) CD3e 버전에 존재한다.

[0438] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라, pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 대략 100 내지 150 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer; GE Healthcare)에 희석된 것으로, 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. 3 분 동안, 유속을 30 내지 35 μ l/min로 하고, 그리고 나서 30 내지 35 μ l/ml의 유속으로, 8 분 동안

안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer)를 적용하였다. 10 mM 글리신, 0.5 M NaCl, pH 2.45을 이용하여 칩의 재생성(regeneration)을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다 (도 4 참조). 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

[0439] **5.2 인간 및 마카크 BCMA에 대한 결합 친화성**

[0440] 마우스 알부민 (ALB)을 가지는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석에 의하여 인간 및 마카크 BCMA에 대한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 결합 친화성을 결정하였다.

[0441] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라 pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 대략 150 내지 200 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼 (GE Healthcare)에 희석된 것으로 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. BCMA 친화성을 결정하기 위하여, 3 분 동안 유속을 35 μ l/min로 하고, 그리고 나서 35 μ l/ml의 유속으로, 10, 30 또는 60 분 동안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼를 적용하였다. 10 mM의 글리신 0.5 M NaCl pH 1.5 및 6 M 구아니딘 클로라이드 용액의 1:1 혼합물로 이루어진 버퍼를 이용하여 칩의 재생성을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다 (도 6 참조). 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

[0442] BCMA 결합에 적용하는 것과 동일한 농도를 이용한 단일 실험에서, 확정된 인간 및 마카크 CD3 앵실론 결합을 실시하였다; 10 min의 해리 시간 동안 해리속도를 결정하였다.

[0443] 서브-나노몰라 범위에서 1-자리 피코몰라(1-digit picomolar) 범위까지, 에피토프 클러스터 E3의 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체가 인간 BCMA에 고 친화성을 보였다. 마카크 BCMA에 대한 결합을 건주어보았고, 1-자리 나노몰라(1-digit nanomolar) 에서 서브나노몰라 범위까지 또한 친화성을 보였다. BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 및 친화 갭(gaps)을 표 2에서 보여준다.

표 2: Biacore 분석에 의하여 결정된 인간 및 마카크 BCMA 에 대한 에피토프 클러스터 E3 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 및 계산된 친화 갭(gaps) (ma BCMA : hu BCMA).

BCMA/CD3 이중특이적 항체	hu BCMA [aM]	ma BCMA [aM]	친화 갭 ma BCMA : hu BCMA
BCMA-83	0.031	0.077	2.5
BCMA-98	0.025	0.087	3.5
BCMA-71	0.60	2.2	3.7
BCMA-34	0.051	0.047	1 : 1.1
BCMA-74	0.088	0.12	1.4
BCMA-20	0.0085	0.016	1.9

[0444]

[0445] **5.3 인간 및 마카크 BCMA에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정**

[0446] Biacore 측정에서, CM5 칩에서의 재조합 가용성 BCMA에 대한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성을 반복실험하여 KDs 및 특히 더 긴 해리 기간 (이전 실험에서 이용하였던 10 분 대신에 60 min)을 이용한 해리속도를 재확인하였다. 각각 5개의 다른 농도로, 두 번 독립적으로, 검사한 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성을 측정하였다.

[0447] 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성은 명확히 서브나노몰라에서 1-자리 피코몰라였다,

표 3의 예 참조.

표 3: 연장된 해리 시간을 이용한 Biacore 실험으로부터 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 (KD) (각각 2 개의 독립적인 실험).

BCMA/CD3 이중특이적 항체	KD [nM] 인간 BCMA	KD [nM] 마카크 BCMA
BCMA-83	0.053 ± 0.017	0.062 ± 0.011
BCMA-98	0.025 ± 0.003	0.060 ± 0.001
BCMA-71	0.242 ± 0.007	0.720 ± 0.028
BCMA-34	0.089 ± 0.019	0.056 ± 0.003
BCMA-74	0.076 ± 0.002	0.134 ± 0.010
BCMA-20	0.0095 ± 0.0050	0.0060 ± 0.0038

[0448]

[0449] 실시예 6

[0450] 이중특이적 결합 및 종간 교차-반응 (interspecies cross-reactivity)

[0451] 인간 및 마카크 BCMA 및 CD3에 대한 결합을 확정하기 위하여, 인간 및 마카크 BCMA, 각각으로 형질감염된 CHO 세포, 천연의 인간 BCMA를 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, CD3-발현하는 인간 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL (DSMZ, Braunschweig, ACC483) 및 CD3-발현하는 마카크 T 세포주 4119LnPx (Knappe A, et al., 혈액, 2000, 95, 3256-3261)를 이용하여 유세포 분석에 의하여 이중특이적 항체를 시험하였다. 또한, 비형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로 사용하였다.

[0452] 유세포 분석을 위하여, 농도 5 µg/ml의 정제된 이중특이적 항체 50 µl로, 얼음 중에서 30 분 동안 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. PBS/2% FCS에서 세포를 두 번 세척하고 묶인 PentaHis 항체 (Qiagen; 50 µl PBS/2% FCS 에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척 후, PBS/2% FCS에서 1:100으로 희석한 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(software (Becton Dickinson)에서 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 분석하였다.

[0453] 인간 및 마카크 BCMA, 인간 및 마카크 T 세포뿐 아니라 인간 BCMA-발현하는 다발성 골수종 세포주 NCI-H929로 형질감염된 CHO 세포로, 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 염색하였다. 또한, 비형질감염된 CHO 세포의 염색하지 않은 군이 있었다 (도 7 참조).

[0454] 실시예 7

[0455] 인간 및 마카크 BCMA에 대한 이중특이적-항체 친화성의 Scatchard-기반 결정

[0456] Scatchard 분석을 위하여, 각각의 세포주에 대한 이중특이적 항체의 1가 결합을 정확하게 결정하는, Micromet (항-His Fab/Alexa 488)에서 개발한 1가 검출 시스템을 이용하여 포화 결합 실험을 실시하였다.

[0457] 100 nM에서 시작하는 BCMA 이중특이적 항체 각각의 트리플렛 희석 시리즈(triplet dilution series) (1:2의 8 개 희석)의 각 50 µl로, 각각의 세포주 (재조합하여 인간 BCMA-발현하는 CHO 세포주, 재조합하여 마카크 BCMA-발현하는 CHO 세포주)의 2×10^4 세포를 인큐베이션하고, 뒤이어 4°C, 교반 하에서 16 시간 동안 인큐베이션하고, 하나 남은 세척 단계를 수행하였다. 그리고 나서, 30 µl의 항-His Fab/Alexa488 용액 (Micromet; 30 µg/ml)으로, 30 분 동안 세포를 추가로 인큐베이션하였다. 한번의 세척 단계 후, 3.5 % 포름알데히드를 함유하는

150 μ l FACS 버퍼에서 세포를 재부유시키고, 추가 15 분 동안 인큐베이션, 원심분리, FACS 버퍼에서 재부유시키고 FACS CantoII machine 및 FACS Diva software를 이용하여 분석하였다. 두 개의 독립적인 실험 세트로부터 데이터를 생성하였다. 수치를 쌍곡선 결합 곡선(hyperbole binding curve)으로 그렸다. 각각의 Scatchard 분석 결과를 계산하여, 최대 결합(Bmax)을 외삽하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 이중특이적 항체의 농도를 결정하였다. 삼중 측정값을 쌍곡선으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합을 결정하고 각각의 KDs를 계산하였다.

[0458] 인간 및 마카크 BCMA 사이에 가능한 친화 겹을 측정하는 가장 믿을만한 방법인 Scatchard 분석에 의하여 인간 또는 마카크 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성을 결정하였다.

[0459] 포화에 달할 때까지 (16 h) 각각의 모노머 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도를 증가시키면서 BCMA 항원을 발현하는 세포를 인큐베이션하였다. 유세포 분석에 의하여 결합된 이중특이적 항체를 검출하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도를 결정하였다.

[0460] 삼중 측정값을 최소로부터 최적 결합까지의 적절한 농도 범위를 설명하는 쌍곡선 및 S-형태 곡선(S-shaped curves)으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합 (Bmax)을 결정하고(도 8) 각각의 KDs를 계산하였다. 표 4에서 나타내는 값은 BCMA/CD3 이중특이적 항체당 두 개의 독립적인 실험으로부터 유래한 것이다.

[0461] 세포 기반 Scatchard 분석은 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 인간 BCMA에 대한 친화성이 서브나노몰라이크 5 이하의 작은 중간 BCMA 친화 겹을 가짐을 확정하였다.

표 4: 세포 기반 Scatchard 분석 (각각 두 개의 독립적인 실험)으로부터 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 (KD)과 계산된 친화 겹 KD 마카크 BCMA/KD 인간 BCMA.

<i>BCMA/CD3 이중특이적 항체</i>	<i>KD [aM] 인간 BCMA</i>	<i>KD [aM] 마카크 BCMA</i>	<i>x-fold KD 차이 KD ma vs. KD hu BCMA</i>
BCMA-83	0.40 $\pm$ 0.13	1.22 $\pm$ 0.25	3.1
BCMA-98	0.74 $\pm$ 0.02	1.15 $\pm$ 0.64	1.6
BCMA-71	0.78 $\pm$ 0.07	3.12 $\pm$ 0.26	4.0
BCMA-34	0.77 $\pm$ 0.11	0.97 $\pm$ 0.33	1.3
BCMA-74	0.67 $\pm$ 0.03	0.95 $\pm$ 0.06	1.4
BCMA-20	0.78 $\pm$ 0.10	0.85 $\pm$ 0.01	1.1

[0462]

실시예 8

세포독성 활성

8.1 자극된 인간 T 세포로 크로뎀 방출 어세이

아래에서 기술하는 바와 같이 CD8⁺ T 세포가 강화된 자극된 T 세포를 얻었다.

37°C에서 1 시간 동안, 1 μ g/ml의 최종 농도로 상업적으로 구입가능한 항-CD3 특이적 항체 (OKT3, 오르토클론)로 페트리 접시 (145 mm 직경, Greiner bio-one GmbH, Kremsmumster)를 코팅하였다. PBS 한번 세척하여 비결합된 단백질을 제거하였다. 안정화된 글루타민 / 10% FCS / IL-2 20 U/ml (Proleukin®, Chiron)가 있는 120 ml의 RPMI 1640가 있는, 전코팅된(precoated) 페트리 접시에 3-5 x 10⁷ 인간 PBMC를 가하고 2 일 동안

자극하였다. 3일째에, 세포를 모으고 RPMI 1640로 한번 세척하였다. IL-2를 가하여 최종 농도를 20 U/ml로 만들고 위에서와 같은 세포 배양 배지에서 하루 동안 다시 세포를 배양하였다.

[0468] 제조사의 프로토콜에 따라 Dynal-Beads를 이용하여 $CD4^+$ T 세포 및 $CD56^+$ NK 세포의 감소에 의하여 $CD8^+$ 세포독성 T 림프구 (CTLs)를 강화하였다.

[0469] PBS로 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 표적 세포를 두번 세척하고 37℃에서 60 분 동안 50% FCS가 있는 최종 부피 100 μ l의 RPMI에서 11.1 MBq ^{51} Cr으로 표지하였다. 그 후에, 5 ml RPMI로 표지된 표적 세포를 3 번 세척하고 나서 세포독성 어세이에서 사용하였다. 96-웰 플레이트, 10:1의 E:T 비율로 보충된 총 부피 200 μ l의 RPMI에서, 어세이를 실시하였다. 처음 농도 0.01-1 μ g/ml인 정제된 이중특이적 항체 및 그의 3배 희석물을 사용하였다. 어세이를 위한 인큐베이션 시간은 18 시간이었다. 최대 용해(Triton-X의 부가) 및 자발적 용해 (효과기 세포 없음)의 차이에 비례하는 상청액에서 방출된 크로뮴의 상대적인 값으로 세포독성을 결정하였다. 모든 측정 은 4번 반복하여 수행하였다. Wizard 3" 감마 카운터 (Perkin Elmer Life Sciences GmbH, Koln, Germany)에서 상청액에서의 크로뮴 활성의 측정을 실시하였다. Windows (버전 5.0, GraphPad Software Inc., San Diego, California, USA) Prism 5로 결과의 분석을 수행하였다. 시그모이드 용량 반응 곡선(sigmoidal dose response curves) 분석 프로그램에 의하여 계산된 EC50 값을 세포독성 활성을 비교하기 위하여 이용하였다 (도 5 참조).

[0470] 8.2 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 자극된 인간 효과기 T 세포를 리다이렉팅(redirecting)하는 효과

[0471] 표적 세포로서 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 $CD8^+$ T 세포를 이용한 51-크로뮴 (^{51} Cr) 방출 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 실시예 8.1에 기술한 바에 따라 실험을 수행하였다.

[0472] 에피토프 클러스터 E3의 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 인간 BCMA 형질감염된 CHO 세포에 대하여 1-자리(1-digit) pg/ml 범위 또는 그 이하의 EC50-값을 갖는 매우 강한 세포독성 활성을 보여주었다(도 9 및 표 5). 따라서, 에피토프 클러스터 E3는 매우 강한 이중특이적 항체 매개 세포독성 활성을 뒷받침하는 매우 유망한 에피토프-활성 관계를 보여준다.

표 5: 표적 세포로서 인간 BCMA 로 감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 $CD8^+$ T 세포를 이용한 51-크로뮴 (^{51} Cr) 방출 세포독성 어세이에서 분석된 에피토프 클러스터 E3 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
BCMA-83	0.38	0.79
BCMA-98	0.27	0.85
BCMA-71	3.2	0.85
BCMA-34	3.4	0.81
BCMA-74	0.73	0.80
BCMA-20	0.83	0.82

[0473] 8.3 비자극된 인간 PBMC로 FACS-기반 세포독성 어세이

[0475] 효과기 세포의 분리

[0476] 수혈하기 위한 혈액을 모으는 혈액 은행의 부산물인, 강화된 림프구 제제 (버피 코트; buffy coats)로 부터 Ficoll 밀도 그라데이션 원심분리에 의하여 인간 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)를 준비하였다. 지역 혈액 은행에서 버피 코트를 제공받았고 혈액을 수집한 날과 동일한 날에 PBMC를 준비하였다. Ficoll 밀도 원심분리 및 Dulbecco's PBS (Gibco)로의 대규모 세척 후에, 적혈구 용해 버퍼 (155 mM NH_4Cl , 10 mM $KHCO_3$, 100 μ M EDTA)로 인큐베이션 하여 PBMC로부터 남아있는 적혈구를 제거하였다. 100 x g에서 PBMC의 원심분리에 따른 상청액을 통

하여 혈소판을 제거하였다. 남아있는 림프구는 주로 B 및 T 림프구, NK 세포 및 단핵구를 포함한다. 10% FCS (Gibco)가 있는 RPMI 배지 (Gibco)에서, 37 °C/5% CO₂ 에서 PBMC를 배양하였다.

[0477] **CD14⁺ 및 CD56⁺ 세포의 감소**

[0478] NK 세포 인간 CD56 MicroBeads (MACS, #130-050-401)의 감소를 위하여, CD14⁺ 세포를 감소시키기 위하여, 인간 CD14 MicroBeads (Milteny Biotec, MACS, #130-050-201)를 사용하였다. PBMC를 계수하고 300 x g로 실온에서 10 분 동안 원심분리하였다. 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 [80 µl/ 10⁷ 세포; PBS (Invitrogen, #20012-043), 0.5% (v/v) FBS (Gibco, #10270-106), 2 mM EDTA (Sigma-Aldrich, #E-6511)]에서 세포 펠렛을 재부유시켰다. CD14 MicroBeads 및 CD56 MicroBeads (20 µl/10⁷ 세포)를 가하고 4 - 8°C에서 15분 동안 인큐베이션하였다. MACS 분리 버퍼 (1 - 2 mL/10⁷ 세포)로 세포를 세척하였다. 원심분리 (상기 참조) 후, 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 (500 µl/10⁸ 세포)에서 세포를 재부유시켰다. 그리고 나서 LS 컬럼 (Miltenyi Biotec, #130-042-401)를 이용하여 CD14/CD56 음성 세포를 분리하였다. 필요할 때까지, 37°C 인큐베이터에서, RPMI 완전 배지 즉, 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x 비-필수 아미노산 (Biochrom AG, #K0293), 10 mM Hepes 버퍼 (Biochrom AG, #L1613), 1 mM 소듐 피루베이트 (Biochrom AG, #L0473) 및 100 U/mL 페니실린/스트렙토마이신 (Biochrom AG, #A2213)가 보충된 RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215)에서 PBMC w/o CD14+/CD56+ 세포를 배양하였다.

[0479] **표적 세포 표지**

[0480] 유세포 분석 어세이에서 세포 용해를 분석하기 위하여, 형광 멤브레인 다이 DiOC₁₈ (DiO) (Molecular Probes, #V22886)를 이용하여 표적 세포로서 인간 BCMA- 또는 마카크 BCMA-감염된 CHO 세포를 표지하고 효과기 세포로부터 그들을 구분하였다. 요약하면, 세포를 수확, PBS로 한번 세척하고, 2 % (v/v) FBS 및 멤브레인 다이 DiO (5 µl/10⁶ 세포)를 함유하는 PBS에서 10⁶ 세포/mL로 조정하였다. 37°C에서 3 분 동안 인큐베이션한 후, 완전 RPMI 배지에서 세포를 두번 세척하고 세포 수를 1.25 x 10⁵ 세포/mL로 조정하였다. 0.5 % (v/v) 등장성 EosinG 용액 (Roth, #45380)을 이용하여 세포의 생존력을 결정하였다.

[0481] **유세포 분석 기반 분석**

[0482] BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액의 존재 하에서의 마카크 또는 인간 BCMA-감염된 CHO 세포의 용해를 정량하기 위하여 이 어세이를 설계하였다.

[0483] DiO-표지된 표적 세포 및 효과기 세포 (즉, PBMC w/o CD14⁺ 세포)를 동등한 부피로 혼합하여, E:T 세포 비율을 10:1로 하였다. 이 현탁액 160 µl을 96-웰 플레이트의 각 웰로 옮겼다. BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액 (serial dilutions) 40 µl 및 이중특이적 음성 대조군 (무관한 표적 항원을 인지하는 CD3-기반 이중특이적 항체) 또는 추가 음성 대조군으로 RPMI 완전 배지를 가하였다. 7% CO₂ 습식 인큐베이터에서 48 시간 동안 이중 특이적 항체-매개 세포독성 반응을 진행시켰다. 그리고 나서 세포를 새로운 96-웰 플레이트로 옮기고 최종 농도 1 µg/mL의 프로피디움 아이오다이드 (propidium iodide; PI)를 가하여 표적 세포 멤브레인 완전성(integrity)의 손실을 모니터링하였다. PI는 보통 살아있는 세포로부터 거부되지만 죽은 세포로부터 흡수되어 형광 방사에 의하여 식별가능하게 되는 멤브레인 불투과성 다이이다.

[0484] FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다.

[0485] DiO-양성 세포로서 표적 세포를 동정하였다. 살아있는 표적 세포로서 PI-음성 표적 세포를 분류하였다. 하기 식에 따라 세포독성 퍼센트를 계산하였다:

$$\text{세포독성}[\%] = \frac{n_{\text{dead target cells}}}{n_{\text{target cells}}} \times 100$$

$$n = \text{횟수}$$

[0486]

[0487] GraphPad Prism 5 software (Graph Pad Software, San Diego)를 이용하여, 상응하는 이중특이적 항체 농도에 대한 세포독성 퍼센트를 도출하였다. 고정된 힐 슬로프로 시그모이드 용량 반응 곡선의 평가를 위하여 네 개의 파라미터 로지스틱 회귀 모델(parametric logistic regression)로 용량 반응 곡선(Dose response curves)을 분석하고 EC50 값을 계산하였다.

[0488] 8.4 인간 BCMA-감염된 표적 세포에 대한 비자극된 인간 PBMC

[0489] 표적 세포로서 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC를 이용하여 FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 위에서 기술한 바와 같이 어세이를 수행하였다 (실시예 8.3).

[0490] 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적으로서 인간 BCMA-감염된 CHO 세포로의 FACS-기반 세포독성 어세이 결과를 도 10 및 표 6에서 보여준다.

표 6: 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적 세포로서 인간 BCMA로 감염된 CHO 세포로 수행한 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
BCMA-83	212	0.97
BCMA-7	102	0.97
BCMA-5	58.4	0.94
BCMA-98	53.4	0.95
BCMA-71	208	0.94
BCMA-34	149	0.94
BCMA-74	125	0.97
BCMA-20	176	0.98

[0492] 실시예 9

[0493] 9.1 BAFF-수용체로의 교차-반응의 배제

[0494] 유세포 분석을 위하여, 농도 5 µg/ml의 정제된 이중특이적 분자 50 µl로 얼음 중에서 30 분 동안 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 세포를 두 번 세척하고 튜린 PentaHis 항체 (Qiagen; 2% FCS가 있는 PBS 50 µl에서 1:20로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척한 후, 2% FCS가 있는 PBS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다. 이중특이적 결합체는 BAFF 수용체와 교차-반응을 보이지 않았다.

[0495] 9.2 인간 BAFF-수용체 (BAFF-R) 및 TACI로 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 교차-반응성 배제

[0496] 인간 BAFF-R 및 TACI에 대한 결합을 배제하기 위하여, 인간 BAFF-R 및 TACI로 각각 형질감염된 CHO 세포를 이용한 유세포 분석에 의하여 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 시험하였다. 또한, 인간 BCMA에 결합하는 양성 대조군으

로 L363 다발성 골수종 세포를 사용하였다. 두 개의 양성 대조군 항체에 의하여 CHO 세포에서 BAFF-R 및 TACI 항원의 발현을 확정하였다. 앞의 실시예에서 기술한 바와 같이 유세포 분석을 실시하였다.

[0497] 유세포 분석을 통하여 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 어느것도 인간 BAFF-R 또는 인간 TACI와 교차-반응하지 않음을 확정하였다 (참조 도 11).

[0498] **실시예 10**

[0499] **세포독성 활성**

[0500] 다섯 개의 추가의 인 비트로(in vitro) 세포독성 어세이에서, BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 인간-유사 BCMA 이중특이적 항체의 효과:

[0501] 1. 51-크로뮴 방출 어세이에서, BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 자극된 인간 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.

[0502] 2. FACS-기반 세포독성 어세이에서, 인간 BCMA-감염된 CHO 세포에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.

[0503] 3. FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.

[0504] 4. 교차-반응성(cross-reactive) BCMA 이중특이적 항체가 마카크 BCMA-감염된 CHO 세포에 대한 마카크 T 세포를 리다이렉팅할 수 있음을 확정하기 위하여, 효과기 T 세포로서 마카크 T 세포주로 FACS-기반 세포독성 어세이를 실시하였다.

[0505] 5. 표적 세포로서 인간 BCMA-감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 인간 T 세포를 이용한 51-크로뮴 방출 어세이에서, BCMA 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 형태 사이의 효과 갭(gap)을 결정하였다.

[0506] **실시예 11**

[0507] **BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 자극된 인간 T 세포**

[0508] 표적 세포의 원천으로서 BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (DSMZ No. ACC49) 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 세포를 이용한 51-크로뮴 (^{51}Cr) 방출 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 실시예 8.1에서 기술한 바와 같이 어세이를 수행하였다.

[0509] 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 림프구 및 표적으로서 인간 BCMA-감염된 CHO 세포로의 51-크로뮴 방출 어세이의 결과와 부합되게, 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 세포독성 활성이 매우 강력하였다 (도 12 및 표 7).

[0510] 에피토프 클러스터링을 하는 동안, BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4("E1/E4")에 결합할 수 있는 다른 군의 항체를 동정하였다(실시예 1 및 3 참조). 예상과 달리, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 - 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 세포독성 활성이 강력함에도 불구하고 - 세포 표면상에 낮은 농도로 천연의 BCMA를 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 세포독성이 약함이 입증되었다(도 12 및 표 7). 이론에 구속시키고자 하는 것은 아니지만, 본 발명자들은 인간 BCMA의 E1/E4 에피토프가 BCMA-감염된 세포 상에서 보다 내추럴 BCMA 발현자 상에 접근가능성이 더 적을수도 있다고 믿는다.

표 7: 표적 세포의 원천으로서 BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 세포로의 18-시간 51-크로뮴 (^{51}Cr) 방출 세포독성 어세이에서 분석된 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3 (3 내지 8 열)의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
1	BCMA-54	685	0.84
2	BCMA-53	1107	0.82
3	BCMA-83	28	0.83
4	BCMA-98	10	0.81
5	BCMA-71	125	0.86
6	BCMA-34	42	0.81
7	BCMA-74	73	0.79
8	BCMA-20	21	0.85

[0511]

[0512] **실시예 12**

[0513] **BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 비자극된 인간 PBMC**

[0514] 표적 세포의 원천으로서 - 모든 시험된 표적 T 세포주의 천연의 BCMA의 가장 약한 표면 발현을 보이는 - BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (DSMZ, ACC49) 및 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성 또한 분석하였다. 위에서 기술한 바와 같이 어세이를 수행하였다 (실시예 8.3).

[0515] 인간 다발성 골수종 세포주 L363에 대한 자극된 강화된 인간 CD8 T 림프구로의 51-크로뮴 방출 어세이에서 관찰된 바와 같이, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 - 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 그들의 강한 세포독성 활성과 달리 - 세포 표면 상에서 낮은 밀도로 천연의 BCMA를 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 비자극된 PBMC의 세포독성 활성을 리다이렉팅하는데 있어서는 효과가 덜 강함이 다시 입증되었다. 이는 위에서 제시한 이론, 즉, BCMA-감염된 세포 상에서 보다 내추럴 BCMA 발현자 상에서 인간 BCMA의 E1/E4 에피토프가 접근 가능성이 적을 수도 있다는 것과 일치한다. 이 어세이에서, 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 3-자리(digit) pg/ml EC50-값이 나타났다 (도 13 및 표 8 참조).

표 8: 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적 세포의 원천으로서 인간 다발성 골수종 세포주 L363 로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 것으로서 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3 (3 내지 8 열)의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	<i>BCMA/CD3 이중특이적 항체</i>	<i>EC50 [pg/ml]</i>	<i>R 스퀘어 값</i>
1	BCMA-54	3162	0.99
2	BCMA-53	2284	0.98
3	BCMA-83	241	0.99
4	BCMA-98	311	0.99
5	BCMA-71	284	0.99
6	BCMA-34	194	0.99
7	BCMA-74	185	0.99
8	BCMA-20	191	0.99

[0516]

[0517]

예상대로, 강화된 자극된 인간 CD8 T 세포를 이용한 세포독성 어세이에서 보다 효과기 세포로서 비자극된 PBMC 로의 세포독성 어세이에서, EC50-값이 더 높았다.

[0518]

실시예 13

[0519]

BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929에 대한 비자극된 인간 PBMC

[0520]

표적 세포의 원천으로서 BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 (ATCC CRL-9068) 및 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이에서, BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 위에서 기술한 바와 같이, 어세이를 수행하였다 (실시예 8.3).

[0521]

세포 표면 상에 천연의 BCMA를 발현하는 다른 인간 다발성 골수종 세포주 (즉, NCI-H929)로의 이 어세이의 결과는 인간 다발성 골수종 세포주 L363로 얻어진 결과를 확정하였다. 다시, 인간 다발성 골수종 세포에 대한 비자극된 PBMC의 세포독성 활성을 리다이렉팅함에 있어서 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 - 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 그들의 강한 세포독성 활성과 달리 - 덜 강함이 입증되었고, 이는 인간 BCMA의 E1/E4 에피토프는 BCMA-감염된 세포 상에서 보다 내추럴 BCMA 발현자 상에서 접근 가능성이 적을 수도 있다는 이론을 확정하는 것이다. E1/E4 결합제에서 볼 수 있는 바와 같은 BCMA-감염된 표적 세포 및 내추럴 발현자 사이의 이러한 활성 갭은 E3에서는 볼 수 없었다. 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 2- 내지 3-자리의 pg/ml EC50-값이 나타났고 따라서 NCI-H929 표적 세포에 대한 비자극된 PBMC를 매우 좋은 EC50-값을 갖도록 리다이렉션하였다 (도 14 및 표 9 참조).

표 9: 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적 세포의 원천으로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3 (3 내지 8 열)의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	<i>BCMA/CD3 이중특이적 항체</i>	<i>EC50 [pg/ml]</i>	<i>R 스퀘어 값</i>
1	BCMA-54	2604	0.99
2	BCMA-53	2474	0.99
3	BCMA-83	154	0.93
4	BCMA-98	67.6	0.87
5	BCMA-71	50.7	0.96
6	BCMA-34	227	0.99
7	BCMA-74	103	0.97
8	BCMA-20	123	0.97

[0522]

[0523]

예상대로, L363와 비교하여 세포 표면상에서 BCMA를 높은 수준으로 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929에서 EC50-값이 더 낮았다.

[0524]

실시예 14

[0525]

마카크 BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 마카크 T 세포

[0526]

마지막으로, 표적 세포로서 마카크 BCMA, 및 효과기 세포의 원천으로서 마카크 T 세포주로 형질감염된 CHO 세포를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다.

[0527]

효과기 세포의 원천으로 마카크 T 세포주 4119LnPx (Knappe et al. Blood 95:3256-61 (2000))를 이용하였다. 위에서 기술한 바와 같이 마카크 BCMA-감염된 CHO 세포의 표적 세포 표지 및 세포독성 활성의 유세포 분석 기반 분석을 실시하였다.

[0528]

E3 에피토프 클러스터의 BCMA/CD3 이중특이적 항체에 의하여 마카크 BCMA-감염된 CHO 세포를 효과적으로 살상하도록 세포주 4119LnPx로부터 마카크 T 세포를 유도하였다. 이 어세이에서, 항체는 매우 강한 1-자리 내지 2-자리 이하의 pg/ml EC50-값을 나타냈고, 이는 마카크 시스템에서 이들 항체가 매우 활성이 강함을 확정하는 것이었다. 반면에, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 2-자리 내지 3-자리 pg/ml 범위에서 EC50-값을 갖는 상당히 약한 효과를 보였다(도 15 및 표 10 참조). 따라서 마카크 시스템에서, E3 특이적 항체는 약 3 내지 거의 100 배 더욱 강하다.

표 10: 효과기 세포로서 마카크 T 세포주 4119LnPx 및 표적 세포로서 마카크 BCMA 로 감염된 CHO 세포로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3 (3 내지 8 열)의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
1	BCMA-54	78.5	0.98
2	BCMA-53	183	0.96
3	BCMA-83	10.9	0.97
4	BCMA-98	2.5	0.89
5	BCMA-71	3.2	0.97
6	BCMA-34	2.1	0.95
7	BCMA-74	2.0	0.95
8	BCMA-20	26	0.98

[0529]

[0530] **실시예 15**

[0531] **BCMA/CD3 이중특이적 항체 모노머 및 다이머 사이의 효과 갭(potency gap)**

[0532] 각 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 이소폼(isoform) 사이의 세포독성 활성 차이(효과 갭이라고도 칭함)를 결정하기 위하여, 정제된 BCMA/CD3 이중특이적 항체 모노머 및 다이머로 위에서 기술된(실시예 8.1) 51-크로뎀 방출 세포독성 어세이를 수행하였다. 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머의 EC50 값 사이의 비율로 효과 갭을 계산하였다. 시험된 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 효과 갭은 0.03 및 1.2 사이였다. 따라서, 각각의 모노머와 비교하여 다이머는 실질적으로 더 높은 활성을 나타내지 않았다.

[0533] **실시예 16**

[0534] **3회 동결/융해 사이클 후 모노머에서 다이머로의 전환**

[0535] 이중특이적 BCMA/CD3 항체 모노머에 3회 동결/융해 사이클을 가한 후, 고 성능 SEC를 하여 항체 다이머로 전환된 최초의 모노머 항체의 퍼센트를 결정하였다.

[0536] 일반적인 버퍼로 15 µg의 모노머 항체를 250 µg/ml의 농도로 만들고 나서 -80℃에서 30 분 동안 동결한 다음 실온에서 30 분 동안 융해하였다. 3회의 동결/융해 사이클 후, HP-SEC에 의하여 다이머 함량을 결정하였다. 이를 위하여, 본래의 SEC 버퍼 (10 mM 시트르산 - 75 mM 리신 HCl - 4% 트레할로오스 - pH 7.2)에 항체의 모노머 이소폼 15 µg 앨리쿼트(aliquots)를 녹이고 250 µg/ml의 농도로 균등화(equilibrate)한 다음, 37℃에서, 7 일 동안 인큐베이션하였다. 고 해상도 SEC 컬럼 TSK 겔 G3000 SWXL (Tosoh, Tokyo-Japan)를 A905 오토샘플러를 구비한 Akta Purifier 10 FPLC (GE Lifesciences)에 연결하였다. 컬럼 평형 (equilibration) 및 100 mM KH2PO4 - 200 mM Na2SO4로 이루어진 러닝 버퍼를 pH 6.6으로 조정하였다. 인큐베이션 7 일 후, 최대 압력 7 MPa에서 0.75 ml/min의 유속으로 항체 용액 (15 µg 단백질)을 평형 컬럼에 적용하고 용리를 수행하였다. 전체 생산량(run)을 280, 254 및 210 nm의 광학 흡광도에서 모니터링하였다. 평가서(evaluation sheet)에 작동되는 Akta Unicorn software에서 기록된 210 nm 신호의 피크 통합(peak integration)에 의하여 분석을 하였다. 모노머 플러스 다이머 피크의 총 면적을 다이머 피크의 면적으로 나누어 다이머 함량을 계산하였다.

[0537] 3회 동결/융해 사이클 후, 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 우수하다고 여겨지는 0.7 내지

1.1%의 다이머 퍼센트를 나타내었다. 그러나, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 다이머 전환 비율은, 문턱값을 초과하는 적합하지 않은 다이머 값인 $\geq 2.5\%$ (각각 4.7% 및 3.8%)의, 좋지않게 높은 값에 달하였다, 표 11 참조.

표 11: 3 회 동결/융해 사이클 후, 고 성능 크기 배제 크로마토그래피 (HP-SEC)에 의해 결정된 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3 (3 내지 8 열) 의 모노머 대 다이머 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 퍼센트.

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	모노머 [%]	다이머 [%]
1	BCMA-54	95.3	4.7
2	BCMA-53	96.2	3.8
3	BCMA-83	99.1	0.9
4	BCMA-98	99.1	0.9
5	BCMA-71	99.1	0.9
6	BCMA-34	98.9	1.1
7	BCMA-74	99.3	0.7
8	BCMA-20	99.2	0.8

[0538]

[0539] **실시예 17**

[0540] **열 안정성**

[0541] DSC (Differential Scanning Calorimetry)에 의하여 온도 용해 곡선(temperature melting curve s)을 결정하여 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 고유의 생물물리학적 단백질 안정성을 결정하였다. MicroCal LLC (Northampton, MA, U.S.A) VP-DSC 장치를 이용하여 이들 실험을 실시하였다. 항체의 제형 버퍼(formulation buffer)만이 함유된 샘플과 비교하여, 20℃부터 90℃까지 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 함유하는 샘플의 에너지 흡수를 기록하였다.

[0542] 상세하게는, 저장 버퍼에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 최종 농도 250 $\mu\text{g/ml}$ 으로 조정하였다. 300 μl 의 준비된 단백질 용액을 딥 웰 플레이트로 옮기고 DSC 장치의 냉각된 오토샘플러(autosampler) 랙 포지션(rack position)에 놓았다. 측정을 위한 참조 물질로서 SEC 러닝 버퍼로 추가의 웰을 채웠다. 측정 공정을 위하여, 오토샘플러에 의하여 단백질 용액을 캐필러리로 옮겼다. 참조로서 추가의 캐필러리를 SEC 러닝 버퍼로 채웠다. 모든 샘플에 대하여 20℃부터 90℃까지의 동등한 온도 범위에서 캐필러리를 가열하는 데에 필요한 가열 에너지로 가열 및 기록하였다.

[0543] 각각의 용해 곡선을 기록하기 위하여, 점진적으로 모든 샘플 온도를 증가시켰다. 각 온도에서 샘플 및 제형 버퍼 참조의 T 에너지 흡수를 기록하였다. 각각의 온도에 대하여 샘플 마이너스 참조의 에너지 흡수 Cp (kcal/mole/℃) 차이를 도출하였다. 에너지 흡수의 첫 번째 최대 온도로서 용해 온도를 결정하였다.

[0544] 에피토프 클러스터 E3의 모든 시험된 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 60℃ 초과, 보다 정확하게는 61.62℃ 및 63.05℃ 사이의 용해 온도를 갖는 우수한 열 안정성을 보였다.

[0545] **실시예 18**

[0546] 유세포 분석에 의한 혈장 간섭의 배제

[0547] 인간 혈장 단백질과 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 가능한 상호작용을 결정하기 위하여, 혈장 간섭 시험을 수립하였다. 이를 위하여, 90 % 인간 혈장에서, 37°C에서 한 시간 동안 10 $\mu\text{g/ml}$ 의 각각의 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 인큐베이션하였다. 그 후에, 유세포 분석에 의하여 인간 BCMA 발현하는 CHO 세포에 대한 결합력을 결정하였다.

[0548] 유세포 분석을 위하여, 농도 5 $\mu\text{g/ml}$ 의 정제된 항체 50 μl 로, 얼음 중에서 30 분 동안, 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. PBS/2% FCS에서 세포를 두 번 세척하고 무린 PentaHis 항체 (Qiagen; 50 μl PBS/2% FCS에서 1:20로 희석)로 구조체의 결합력을 검출하였다. 세척한 후, PBS/2% FCS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva 소프트웨어에 의하여 분석하였다 (Becton Dickinson).

[0549] 인간 혈장 대신에 PBS를 사용한 대조 어세이와 얻어진 데이터를 비교하였다. 다음과 같이 상대적인 결합력을 계산하였다:

[0550] $(\text{PBS 샘플 신호} / \text{w/o 검출 시약 신호}) / (\text{혈장 샘플 신호} / \text{w/o 검출 시약 신호})$.

[0551] 이 실험에서, 혈장 단백질에 의하여 매개된 에피토프 클러스터 E3의 각각의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 표적 결합력의 유의한 감소가 없음이 분명해졌다. 모든 경우에서, 상대적인 혈장 간섭 값은 2 미만, 보다 정확하게는 1.29 ± 0.25 및 1.70 ± 0.26 사이였다 ("2" 값은 간섭 신호에 대한 문턱값 보다 낮은 것으로 생각된다).

[0552] 실시예 19

[0553] 인간 종양 이종이식 모델에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 치료 효능

[0554] 연구 1일째, 암컷 NOD/SCID 마우스의 오른쪽 뒤 옆구리(right dorsal flank)에 5×10^6 세포의 인간 암 세포주 NCI-H929를 피하로 주사하였다.

[0555] 9일째에, 평균 종양 부피가 약 100 mm^3 에 달하였을 때, 약 2×10^7 세포를 동물의 복막강 내로 주사함에 의하여 인 비트로 증식된(expanded) 인간 CD3^+ T 세포를 마우스에 이식하였다. 마우스 비히클 대조군 1 (n=5)은 효과기 세포를 받지않고 T 세포 단독의 종양 성장에 미치는 영향을 모니터링하기 위한 비히클 대조군 2 (n=10, 효과기 세포를 받음)와 비교하기 위한, 이식되지 않은 대조로서 사용되었다.

[0556] 평균 종양 부피가 약 200 mm^3 에 달한, 13일째에 항체 처리를 시작하였다. 처리 시작 일의 각 처리군의 평균 종양 크기는 다른 어떤 군과 통계적으로 다르지 않았다 (분산의 분석). 17일 동안 정맥 볼루스(bolus) 주사에 의하여 마우스를 0.5 mg/kg/day의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 BCMA-98 x CD3 (그룹 3, n=7) 또는 BCMA-34 x CD3 (그룹 4, n=6)로 처리하였다.

[0557] 연구하는 동안 캘리퍼로 종양을 측정하고 종양 부피 (TV)의 그룹간 비교에 의하여 진행(progress)을 평가하였다. $T/C\% = 100 \times (\text{분석된 그룹의 평균TV}) / (\text{대조군 2의 평균 TV})$ 로 TV를 계산하여 종양 성장 억제 T/C [%]를 결정하였다. 결과를 표 12 및 도 16에 나타내었다.

표 12: 13 일 내지 30 일에서 평균 종양 부피 (TV) 및 종양 성장 억제 (T/C).

투여 그룹	데이터	d13	d14	d15	d16	d18	d19	d21	d23	d26	d28	d30
1 비히. 대조 w/o T 세포	med.T V [mm ³]	238	288	395	425	543	632	863	1067	1116	1396	2023
	T/C [%]	120	123	127	118	104	114	122	113	87	85	110
2 비히클 대조	med.T V [mm ³]	198	235	310	361	525	553	706	942	1290	1636	1839
	T/C [%]	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
3 BCMA -98	med.T V [mm ³]	207	243	248	235	164	137	93.5	46.2	21.2	0.0	0.0
	T/C [%]	105	104	79.7	65.0	31.2	24.7	13.2	4.9	1.6	0.0	0.0
4 BCMA -34	med.T V [mm ³]	206	233	212	189	154	119	56.5	17.4	0.0	0.0	0.0
	T/C [%]	104	99.2	68.2	52.3	29.4	21.5	8.0	1.8	0.0	0.0	0.0

실시예 20

표적 음성 세포의 용해의 배제

5:1의 효과기 세포 대 표적 세포 비율 및 24 시간의 인큐베이션 시간에서, BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 및 정제된 T 세포를 이용하여 인 비트로 용해 어세이를 수행하였다. NCI-H929의 용해에서 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 (BCMA-34 및 BCMA-98)는 높은 효과 및 효능을 보였다. 그러나, 각각의 항체의 500 nM까지 BCMA 음성 세포주 HL60 (AML / 골수아세포 모폴로지), MES-SA (자궁 육종, 섬유아세포 모폴로지), 및 SNU-16 (위암, 상피 모폴로지)에서는 용해가 검출되지 않았다.

실시예 21

다른 PBMC 아집단(subsets)의 T 세포 활성화의 유도

표적 세포로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, L-363 및 OPM-2 및 효과기 세포로서 인간 PBMC (CD4⁺ / CD8⁺ / CD25⁺ / CD69⁺)의 다른 아집단을 이용하여 FACS-기반 세포독성 어세이 (48h; E:T = 10:1)를 수행하였다. 그 결과 (표 13 참조)는, EC₅₀ 값에 의해 측정된 활성화 정도가 다른 분석된 PBMC 아집단의 범위와 본질적으로 같은 범위에 있음을 보여준다.

표 13: 효과기 세포로서 인간 PBMC 의 다른 아집단 및 표적 세포로서 다른 인간 다발성 골수종 세포주로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E3 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC₅₀ 값 [ng/ml].

		EC ₅₀ [ng/ml]	
세포주	PBMC	BCMA-98 x CD3	BCMA-34 x CD3
NCI-H929	CD4 ⁺ / CD25 ⁺	1.46	1.20
	CD8 ⁺ / CD25 ⁺	0.53	0.49
	CD4 ⁺ / CD69 ⁺	0.59	0.47
	CD8 ⁺ / CD69 ⁺	0.21	0.21
OPM-2	CD4 ⁺ / CD25 ⁺	2.52	4.88
	CD8 ⁺ / CD25 ⁺	1.00	1.20
	CD4 ⁺ / CD69 ⁺	1.65	2.27
	CD8 ⁺ / CD69 ⁺	0.48	0.42
L-363	CD4 ⁺ / CD25 ⁺	0.54	0.62
	CD8 ⁺ / CD25 ⁺	0.24	0.28
	CD4 ⁺ / CD69 ⁺	0.35	0.34
	CD8 ⁺ / CD69 ⁺	0.12	0.11

[0565]

[0566] 실시예 22

[0567] 사이토카인 방출의 유도

[0568] 표적 세포로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, L-363 및 OPM-2 및 효과기 세포로서 인간 PBMC를 이용하여 FACS-기반 세포독성 어세이 (48h; E:T = 10:1)를 수행하였다. 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도 증가에 따른 사이토카인 방출 [pg/ml]의 수준을 결정하였다. 다음의 사이토카인을 분석하였다: IL-2, IL-6, IL-10, TNF 및 IFN-감마. 결과를 표 14 및 도 17에 나타내었다.

표 14: 효과기 세포로서 인간 PBMC 및 표적 세포로서 다른 인간 다발성 골수종 세포주 (E:T = 10:1)로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서, 2.5 µg/ml의 에피토프 클러스터 E3의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 (BCMA-98 및 BCMA-34)에 의하여 유도된 IL-2, IL-6, IL-10, TNF 및 IFN-감마의 방출 [pg/ml].

	사이토카인 수준 [pg/ml]				
	NCI-H929				
	IL-2	IL-6	IL-10	TNF	IFN-감마
BCMA-98	1357	699	2798	10828	73910
BCMA-34	1327	631	3439	6675	77042
	OPM-2				
	IL-2	IL-6	IL-10	TNF	IFN-감마
BCMA-98	41	118	990	5793	33302
BCMA-34	28	109	801	4913	23214
	L-363				
	IL-2	IL-6	IL-10	TNF	IFN-감마
BCMA-98	97	314	2433	5397	64981
BCMA-34	168	347	2080	5930	75681

[0569]

SEQ ID NO	Designation	Designation	Format / source	Type	Sequence
1	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH CDR1	aa	NYDMA
2	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH CDR2	aa	SLITSGDATYYRDSVKG
3	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFA
4	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
5	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT
6	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
7	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRLSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDATYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDYDGSYGFAWQGGLTAVSS
8	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQKQPGAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSG GREFTLTISSLQSEDFAVYYCQYGSIPFTFGPTKVDIK
9	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGRLSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDATYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDYDGSYGFAWQGGLTAVSSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQKQPGAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTISSLQSEDFAVYYCQYGSIPFTFGPTKVDIK
10	BCMA-1 HL x CD3 HL	BC 5G9 91-C7-B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRLSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDATYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDYDGSYGFAWQGGLTAVSSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQKQPGAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTISSLQSEDFAVYYCQYGSIPFTFGPTKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYMNNWRQAPGKLEWVARIRSKNNNYATYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYAWWGQGLTAVSSGGGSGGGSGGGSGGTAVTQEPSTLVS FGGTVLTTCGSSTGAVTSNYPNWWYQKQPGAPRGLIGGTFKFLAGTPARFSGSLLGKKAALTLGV QPEDEAEYTCVLWYSNRWFGGGKLTVL
11	BCMA-2	BC 5G9 91-C7-D8	VH CDR1	aa	NYDMA

[0570]

12	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYRDSVKG
13	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VH CDR3	aa	HDYDGSYGfAY
14	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
15	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT
16	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIFET
17	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVQPGFGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTAVTSYSGGGSGGGSGGG FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTAVTSY
18	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWTQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GREFTLTISLQSEDFAVYYCLQYGSIPFTFGGTRKVDIK
19	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVQPGFGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTAVTSYSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWTQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTISLQSEDFAVYYCLQYGSIPFTFGGTRKVDIK
20	BCMA-2 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- C7-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVQPGFGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTAVTSYSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWTQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTISLQSEDFAVYYCLQYGSIPFTFGGTRKVDIKSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVASIRSKYNNIATYADSVKDRFTISRDNSKNTAVIQMN NLKTEDTAVYCYRHHGNEGNSIYWAYWGQGLTAVTSYSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGTWTQEPSTLVS PGGTWTLTCCSTCAVTSGNYPNWWQQKPGQAPRGLTGGTKFLAPGTPARFSGSLILGGKAALTLSGV QFEDEAEYVCVLMYSNRWVFGGTRKLTVL
21	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH CDR1	aa	NYDMA
22	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH CDR2	aa	SIITSGDATYRDSVKG
23	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH CDR3	aa	HDYDGSYGfAY
24	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD

[0571]

[0572]

25	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT	
26	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
27	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGDATYYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSS	
28	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWIQQKPGQAPRLILYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLSQSEDFAVYVCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK	
29	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGDATYYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWIQQKPGQAPRLILYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDFAVYVCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK	
30	BCMA-3 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- E4-B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGDATYYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWIQQKPGQAPRLILYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDFAVYVCLQYGSIPFTFGPGTKVDIKSKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIRKNNYATYYADSYKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLRTEDTAVYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGGGSGTQVTPESLTVS PGTIVTLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRLIGGTFKFLAFTPARFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYTCVLWYSNRNVFGGGLTVL	
31	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH CDR1	aa	NYDMA	
32	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYRDSVKG	
33	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFAV	
34	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD	
35	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT	
36	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
37	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSS	

[0573]

38	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKSQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLSQSEDFAVYYCLOYGSIPTFTFGPGTKVDIK
39	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKSQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDFAVYYCLOYGSIPTFTFGPGTKVDIK
40	BCMA-4 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- E4-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKSQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDFAVYYCLOYGSIPTFTFGPGTKVDIK
41	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH CDR1	aa	NYDMA
42	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH CDR2	aa	SIITSGDATYYRDSVKG
43	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFAF
44	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
45	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT
46	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIPET
47	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGLTVTVSS
48	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKSQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLSQSEDFAVYYCLOYGSIPTFTFGPGTKVDIK
49	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKSQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDFAVYYCLOYGSIPTFTFGPGTKVDIK

[0574]

50	BCMA-5 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- D2-B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVASIITSGDATTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAFWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLYQYGSIPFTFGPTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTLSRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGFGNSYISYVWYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTVVTPQPSITVS PGGTVTLTGCSSTGAVTSNYPNVRVQKQAPRGLIGGTFKFLAEPGPAPRSGSLLGGKAAITLSGV QPEDEAEIYCVLMYSNRWVEGGGTSLTVL
51	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH CDR1	aa	NYDMA
52	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYRDSVKG
53	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH CDR3	aa	HDYDGSYGFAF
54	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
55	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT
56	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
57	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVASIITSGDATTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAFWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLYQYGSIPFTFGPTKVDIK
58	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL	aa	EIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GTEFTLTISLQSEDFAVYICLYQYGSIPFTFGPTKVDIK
59	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVASIITSGDATTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAFWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLYQYGSIPFTFGPTKVDIK
60	BCMA-6 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- D2-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVASIITSGDATTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAFWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLYQYGSIPFTFGPTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTLSRDSKNTAYLQMN

[0575]

61	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH CDR1	aa	NYDMA	NLKRTDIAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGGGGGGGSGGSGQTVVVTPPSLTVS PGGTVTLTCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTGKFLAPGTAPAFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVGGGKTLVL
62	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH CDR2	aa	SLITSGDATYYRDSVAG	
63	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH CDR3	aa	HDYDGSYGFAV	
64	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD	
65	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT	
66	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL CDR3	aa	LQYSGSIFPT	
67	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH	aa	QVQLVESGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVASIIITSGDATYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQNNISLRAEITAVYCVRHYYDGSYGFAWGQGLTVVSS	
68	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLVSFGERAFTLSCKASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLQAEDFAVYCYQVGSIPFTFGPGTKVDIK	
69	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	scFv	aa	QVQLVESGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVASIIITSGDATYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQNNISLRAEITAVYCVRHYYDGSYGFAWGQGLTVTVSSGGSGGGGGSGGSGG GSEIVMTQSPATLVSFGERAFTLSCKASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDFAVYCYQVGSIPFTFGPGTKVDIK	
70	BCMA-7 HL x CD3 HL	BC 5G9 92- E10B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVASIIITSGDATYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQNNISLRAEITAVYCVRHYYDGSYGFAWGQGLTVTVSSGGSGGGGGSGGSGG GSEIVMTQSPATLVSFGERAFTLSCKASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDFAVYCYQVGSIPFTFGPGTKVDIK	
71	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH CDR1	aa	NYDMA	NLKRTDIAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGGGGGGGSGGSGGQTVVVTPPSLTVS PGGTVTLTCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTGKFLAPGTAPAFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVGGGKTLVL

[0576]

72	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYIRDSVKG
73	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH CDR3	aa	HDYIDGSYGFAV
74	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
75	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT
76	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIPET
77	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYIRDSVKGR FTVSRDNRKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHDYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGG FTVSRDNRKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHDYDGSYGFAVWGQGLTVTVSS
78	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLQAEDEFAYYICLYGSIPTFGGTRKVDIK
79	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYIRDSVKGR FTVSRDNRKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHDYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDEFAYYICLYGSIPTFGGTRKVDIK
80	BCMA-8 HL x CD3 HL	BC 5G9 92- E10-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYIRDSVKGR FTVSRDNRKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHDYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDEFAYYICLYGSIPTFGGTRKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAVLQMN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGGSGGQTIVTQEPSTLVS PGGTWLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLIGGKRAALTLSGV QFEDEAEYTCVLWYSNRNVFGGTRKLTIVL
81	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH CDR1	aa	NYWIH
82	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH CDR2	aa	AIYFGNSDTHYNKFGG
83	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH CDR3	aa	SSYYVDGSLFAS
84	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL CDR1	aa	RS9QSIVHSGNGNTLY

85	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
86	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL CDR3	aa	FQGSLPFT	
87	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK VTITRDTASTAYMELSSLTSEDYAVYCTRSYYDGSLSFASWGQGLVTVSS	
88	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL	aa	DIVMTQTPLSLSPGQPASISCRSSQSIHVSNGNTYLYLQRFQGPQLLIYRVSNRFSGVDFR SGSGSTDTLTKISRVEADGVYCFQGSTLPFTFQGGTKLEIK	
89	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK VTITRDTASTAYMELSSLTSEDYAVYCTRSYYDGSLSFASWGQGLVTVSSGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSPGQPASISCRSSQSIHVSNGNTYLYLQRFQGPQLLIYRVSNRFSGVDFR RFSGGSGTDTLTKISRVEADGVYCFQGSTLPFTFQGGTKLEIK	
90	BCMA-9 HL x CD3 HL	BC H1 38- D2-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK VTITRDTASTAYMELSSLTSEDYAVYCTRSYYDGSLSFASWGQGLVTVSSGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSPGQPASISCRSSQSIHVSNGNTYLYLQRFQGPQLLIYRVSNRFSGVDFR RFSGGSGTDTLTKISRVEADGVYCFQGSTLPFTFQGGTKLEIK	
91	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH CDR1	aa	NYWIIH	
92	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNQKPGQ	
93	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH CDR3	aa	SSYYIDGSLFAS	
94	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL CDR1	aa	RSSQSIHVSNGNTYLY	
95	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
96	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL CDR3	aa	FQGSHPFT	
97	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK	

[0577]

[0578]

						VTITRSTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSYYDGSIFASWGQGLVTVSS
98	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL	aa		DIWMTQTPLSLSVSPGPASISCRSSQSIYHNGNTLYWYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSHLPETFGQGTKEIK
99	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFNTYNIHWVKQAPGQRLIEWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK VTITRSTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSYYDGSIFASWGQGLVTVSSGGSGSGSGSGSGG GSDIWMQTPLSLSVSPGPASISCRSSQSIYHNGNTLYWYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDPDRF RFSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSHLPETFGQGTKEIK
100	BCMA-10 HL x CD3 HL	BC H1 38- D2-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFNTYNIHWVKQAPGQRLIEWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK VTITRSTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSYYDGSIFASWGQGLVTVSSGGSGSGSGSGSGG GSDIWMQTPLSLSVSPGPASISCRSSQSIYHNGNTLYWYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDPDRF RFSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSHLPETFGQGTKEIK
101	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH CDR1	aa		NYWIIH
102	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH CDR2	aa		AIYPGNSDTHYNQKFOG
103	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH CDR3	aa		SSYYDGSIFAS
104	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL CDR1	aa		KSSQSIYHNGNTLY
105	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL CDR2	aa		RVSNEFS
106	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL CDR3	aa		FQGSTLPFT
107	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFNTYNIHWVKQAPGQRLIEWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK VTITRSTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSYYDGSIFASWGQGLVTVSS
108	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL	aa		DIWMTQTPLSLSVSPGPASISCRSSQSIYHNGNTLYWYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSHLPETFGQGTKEIK
109	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFNTYNIHWVKQAPGQRLIEWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK

[0579]

					VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVSVPFGQQASISCKSSQSIIVHSNGNTIYLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDTFLKISRVEAEDVGVIYCFQGGSTLPFTFGQGTKEIK
110	BCMA-11 HL x CD3 HL	BC H1 38- C1-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVSVPFGQQASISCKSSQSIIVHSNGNTIYLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDTFLKISRVEAEDVGVIYCFQGGSTLPFTFGQGTKEIKKSGGGSEVQLVESGGGLVQP GGSLKLSAASGTFNRYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNIYATYVADSVKDRFTISRDDSKNTA YLOMNNLKTEDTAIVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGGSGTIVTVQEP SLTVSPGGTIVTLTCGSGTGAITSNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARTFSGSLIGKRAAL TILSGVQPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGGLKLTVL
111	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH CDR1	aa	NYWIIH
112	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNQKFGQ
113	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH CDR3	aa	SSYYDGSIFAS
114	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL CDR1	aa	KSSQSIIVHSNGNTIY
115	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL CDR2	aa	RYSNRFS
116	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL CDR3	aa	FQGSHPFT
117	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSS
118	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL	aa	DIVMTQTPLSLVSVPFGQQASISCKSSQSIIVHSNGNTIYLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDTFLKISRVEAEDVGVIYCFQGGSTLPFTFGQGTKEIK
119	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVSVPFGQQASISCKSSQSIIVHSNGNTIYLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDTFLKISRVEAEDVGVIYCFQGGSTLPFTFGQGTKEIK
120	BCMA-12 HL x CD3 HL	BC H1 38- C1-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG

						GSDIVMTQTPLSLSVTPGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYLWYLOKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEADVGYICFQGSGLPFTFGQSTKLEIKSGGGSEVLVESGGGLVQP GSSLKLSAASGETFNKYAMNWRQAPCGKLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQNNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGSGGGSGGQTVVTVQEP SLTVSPGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAAL TLSGVQPEDEAEYICVLWYNRNWVEGGTKLTVL
121	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH CDR1	aa	NYWIIH	
122	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH CDR2	aa	AIYFGNSDTHYINQKFGG	
123	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH CDR3	aa	SSYYVDGSLFAS	
124	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL CDR1	aa	KSSQSIHVSNGNTLY	
125	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
126	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL CDR3	aa	FGGSTLPFT	
127	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH	aa	QVQLVQSGRAVAKPGASVKYSCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLWNGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSSYYIDGSLFASWGQGTLLTVSS	
128	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL	aa	DIIVMTQTPLSLSVTPGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYLWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDPRE SGSGSGTDFTLKISRVEADVGYICFQGSGLPFTFGQGTKLEIK	
129	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	scFv	aa	QVQLVQSGRAVAKPGASVKYSCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLWNGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSSYYIDGSLFASWGQGTLLTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSVTPGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYLWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEADVGYICFQGSGLPFTFGQGTKLEIK	
130	BCMA-13 HL x CD3 HL	BC H1 39- B2-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGRAVAKPGASVKYSCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLWNGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSSYYIDGSLFASWGQGTLLTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSVTPGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYLWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEADVGYICFQGSGLPFTFGQGTKLEIKSGGGSEVLVESGGGLVQP GSSLKLSAASGETFNKYAMNWRQAPCGKLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQNNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGSGGGSGGQTVVTVQEP SLTVSPGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAAL	

						TLGGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVGGGKLTVL
131	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH CDR1	aa		NYWIIH
132	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH CDR2	aa		AIYPGNSDTHYNQKFG
133	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH CDR3	aa		SSYYVDGSLFAS
134	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL CDR1	aa		KSSQSIHVSNGNTLY
135	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL CDR2	aa		RVSNRFS
136	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL CDR3	aa		FQGSHPFT
137	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLWNGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYIYDGSIFASWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGG VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYIYDGSIFASWGQGLTVTVSS
138	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL	aa		DIWMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYWYVLPKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDPRE SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK
139	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	scFv	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLWNGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYIYDGSIFASWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYWYVLPKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK
140	BCMA-14 HL x CD3 HL	BC H1 39- B2-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLWNGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYIYDGSIFASWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIHVSNGNTLYWYVLPKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK CGSLKLSAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVAIRSKYNNYATYIADSVKDRFTISRDDSKNTA YLOMNNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGGVTVTQEP SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYENWVQKPGQAPRGLIGGKTKFLAPGTPARFSGSILGGKAAL TLGGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVGGGKLTVL
141	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH CDR1	aa		SYWIIH
142	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH CDR2	aa		AIYPGNSDTHYNQKFG

143	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH CDR3	aa	SSYYDGSIFAD	
144	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL CDR1	aa	KSSQSI VHSNGNTLY	
145	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
146	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL CDR3	aa	FQGSTLPFT	
147	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKRPGTSVKVSKKASGYTFTSYNIHWKQAPGQRLIEWIGALVPGNSDTHYNQKFGGR VTLTADTSASTAYMELSSLRSEDSAVYYCTRSYYIDGSLFADWGQGTLTIVSS	
148	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL	aa	DI VMTQTPLSLVTPGQPASISCKSSQSI VHSNGNTLYWYLOKPGQPPQLLLIYRVSNRFSGVDFR SGSGSGTDTLTLSRVEAEADVGYVYCFQGSTLPFTFGQGTKEIK	
149	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKRPGTSVKVSKKASGYTFTSYNIHWKQAPGQRLIEWIGALVPGNSDTHYNQKFGGR VTLTADTSASTAYMELSSLRSEDSAVYYCTRSYYIDGSLFADWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVTPGQPASISCKSSQSI VHSNGNTLYWYLOKPGQPPQLLLIYRVSNRFSGVDFR RFSGSGSGTDTLTLSRVEAEADVGYVYCFQGSTLPFTFGQGTKEIK	
150	BCMA-15 HL x CD3 HL	BC H1 39- C9-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKRPGTSVKVSKKASGYTFTSYNIHWKQAPGQRLIEWIGALVPGNSDTHYNQKFGGR VTLTADTSASTAYMELSSLRSEDSAVYYCTRSYYIDGSLFADWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVTPGQPASISCKSSQSI VHSNGNTLYWYLOKPGQPPQLLLIYRVSNRFSGVDFR RFSGSGSGTDTLTLSRVEAEADVGYVYCFQGSTLPFTFGQGTKEIK YIQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNEFGNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGSGTIVTQEP SLTVPFGTIVLTCTGSGTGAVTSGNYPNWVQKQKQAPRSLIGGT KFLAFTGTPARFSGSLLIGKNAAL TISGVQPEDEAEYCYLNIYNNRWVFGGCTKLTVL	
151	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH CDR1	aa	SYWIIH	
152	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNQKFEQ	
153	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH CDR3	aa	SSYYDGSIFAD	
154	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL CDR1	aa	KSSQSI VHSNGNTLY	
155	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL CDR2	aa	RVSNRFS	

[0582]

156	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL CDR3	aa	FGSHLPFT
157	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGTSTVKVSKCKASGYTFTSYLHWVKQAPQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSLRSEDSAVYYCTRSSYYDGSLFADWGQGTITVTVSS
158	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL	aa	DIWMTQTPLSLVTFGQPASTISCKSSQSIHVSNGNTVLYWYLOKFGPPQLLIYRYVSNRFSGVDFR SGSGGTDTTLKISRVEAEDGVYYCFQSGSHLPFTFGQGTLEIK
159	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGTSTVKVSKCKASGYTFTSYLHWVKQAPQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSLRSEDSAVYYCTRSSYYDGSLFADWGQGTITVTVSSGGSGGGGGGG GSDIWMQTPLSLVTFGQPASTISCKSSQSIHVSNGNTVLYWYLOKFGPPQLLIYRYVSNRFSGVDFR RFGSGSGTDTTLKISRVEAEDGVYYCFQSGSHLPFTFGQGTLEIK
160	BCMA-16 HL x CD3 HL	BC H1 39- C9-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGTSTVKVSKCKASGYTFTSYLHWVKQAPQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSLRSEDSAVYYCTRSSYYDGSLFADWGQGTITVTVSSGGSGGGGGGG GSDIWMQTPLSLVTFGQPASTISCKSSQSIHVSNGNTVLYWYLOKFGPPQLLIYRYVSNRFSGVDFR RFGSGSGTDTTLKISRVEAEDGVYYCFQSGSHLPFTFGQGTLEIK GGSLKLSCAASGFTENKYMWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNVATYVADSVKDRFTISRDDSKNTA YIQMNNLTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIISYWAYWGQGTITVTVSSGGSGGGGGGGSGTIVVTQEP SLTVSPGGTITLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGAPRGLIGGTKFLAPGTPTARTSGSLLGKRAAL TLGSGVQPEDEAEYYCYVLWYSNRWVFGGGLTIVL
161	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH CDR1	aa	NFDMA
162	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH CDR2	aa	STTGADHAIYADSVKG
163	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
164	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN
165	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL CDR2	aa	YTSNLQS
166	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL CDR3	aa	QQYDISSYT
167	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH	aa	EYQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSFNEDMAWRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNARKNTLYIQMDSLRVEDTAVYYCVRHCYDGYHLEFDYWGQGTITVTVSS
168	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTISNLSQSGVPSRFSGSGS

[0583]

[0584]

		D7-E6	scFv	aa	
169	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6		aa	GTDYTLTISSLPQEDFATYYCQYDISSYTFGGTKLEIK EVQLVESGGGLYQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTILYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQEDFATYYCQYDISSYTFGGTKLEIK
170	BCMA-17 HL x CD3 HL	BC C3 33- D7-E6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLYQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTILYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQEDFATYYCQYDISSYTFGGTKLEIK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLVWVIRSKYNNYATYYADSKVDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNGFSYISYWAYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGGSGTIVTQEPRLTVS PGKTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGKAAITLSGV QPEDEAEYYCVLMYSNRWVFGGTKLTVL
171	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VH CDR1	aa	NFDMA
172	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VH CDR2	aa	SLITGADHAIYADSVKGR
173	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
174	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN
175	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VL CDR2	aa	YTSNLQS
176	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VL CDR3	aa	MGQTISST
177	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VH	aa	EVQLVESGGGLYQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTILYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSS
178	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GTDYTLTISSLPQEDFATYYCMGQTISSYTFGGTKLEIK
179	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLYQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTILYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQEDFATYYCMGQTISSYTFGGTKLEIK

180	BCMA-18 HL x CD3 HL	BC C3 33- D7-E6B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNDSLRAEDTAVYYCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGSGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSLNQSGVSPFRFSGS GSGDTYTLTISLQPEDFATYYCQYDISSYTFGGQTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKIAMWVRQAPGKGLNVAIRSKINNYATYYADSVKDAFTTISRDNSKNTAYLQMNI NLKTEDTAVYYCVRHGFNFGNSYTSYWAYWGQGTLTIVTSSGGGSGGGGGGGQYVTVTPPSLTAVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKQEGQAPRGLIGGQTKFLAPGTPEAFSGSLLGCKAAALTLSCV QPEDAEAYYCVLWYSNRWVEGGGTKLTIVL
181	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH CDR1	aa	NFDMA
182	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH CDR2	aa	SITTTGADHAIYADSVKGR
183	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH CDR3	aa	HGYVDGYHLFDY
184	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN
185	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL CDR2	aa	YTSNLQS
186	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL CDR3	aa	QQYDISSYT
187	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNDSLRAEDTAVYYCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLTIVTSS
188	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSLNQSGVSPFRFSGSGS GTDYTLTISLQPEDFATYYCQYDISSYTFGGQTKLEIK
189	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNDSLRAEDTAVYYCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGSGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSLNQSGVSPFRFSGS GSGDTYTLTISLQPEDFATYYCQYDISSYTFGGQTKLEIK
190	BCMA-19 HL x CD3 HL	BC C3 33- F8-E6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNDSLRAEDTAVYYCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGSGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSLNQSGVSPFRFSGS GSGDTYTLTISLQPEDFATYYCQYDISSYTFGGQTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKIAMWVRQAPGKGLNVAIRSKINNYATYYADSVKDAFTTISRDNSKNTAYLQMNI NLKTEDTAVYYCVRHGFNFGNSYTSYWAYWGQGTLTIVTSSGGGSGGGGGGGQYVTVTPPSLTAVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKQEGQAPRGLIGGQTKFLAPGTPEAFSGSLLGCKAAALTLSCV QPEDAEAYYCVLWYSNRWVEGGGTKLTIVL

[0586]

						NLKTEDTAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQTLVTSSGGSGGGGGGGGGTAVVTQEPSLTVS PGGTVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV QPEDEAEIYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
191	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH CDR1	aa	NFDMA	
192	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYADSVKG	
193	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
194	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN	
195	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
196	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL CDR3	aa	MGQTISST	
197	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVSS	
198	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSLPQPEDFATYICMGQTISSTYFGQGTKEIK	
199	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYICMGQTISSTYFGQGTKEIK	
200	BCMA-20 HL x CD3 HL	BC C3 33- F8-E6B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYICMGQTISSTYFGQGTKEIKSGGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLA LSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQTLVTSSGGSGGGGGGGGGTAVVTQEPSLTVS PGGTVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV QPEDEAEIYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL	
201	BCMA-21	BC C3 33- F8-E6	VH CDR1	aa	NFDMA	

202	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYADSVKG	
203	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
204	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL CDR1	aa	RASQGISNYLIN	
205	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
206	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL CDR3	aa	QQYDISSYT	
207	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDVAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG	
208	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSNQLQSGVPSRFRSGSGS GTDYTLTISISLQPEDFATYVCOQYDISSYTFQGGTKLEIK	
209	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDVAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSNQLQSGVPSRFRSGS GSGTDYTLTISISLQPEDFATYVCOQYDISSYTFQGGTKLEIK	
210	BCMA-21 HL x CD3 HL	BC C3 33- F9-E6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDVAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSNQLQSGVPSRFRSGS GSGTDYTLTISISLQPEDFATYVCOQYDISSYTFQGGTKLEIKSGGGSEVQLVQPGGSLK LSCAASGFTFNRYAMWVRQAPGKLEWVARISRNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAVLQMN NIKTEDVAVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGQTQVVTQEPSELTVS FGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGKFLAPGTPARFSGSLILGGKAALTLISGV QPEDEAEYTCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL	
211	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH CDR1	aa	NFDMA	
212	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYAESVKG	
213	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
214	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL CDR1	aa	RASQGISNYLIN	

[0587]

[0588]

215	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL CDR2	aa	YTSNLIQS	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYASVSKGR
216	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL CDR3	aa	MGQTISSTY	FTISRDNARNTLYLQMDSLRSEDFAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTLTIVSS
217	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH	aa		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISRASQGISNLYNWYQKPKGAPKPLIYYTSNLIQSGVPSRFSGSGS
218	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL	aa		GGTDYTLTISLQPEDFAVYYCMGQTISSYTFQCQGTLEIK
219	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	scFv	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYASVSKGR
220	BCMA-22 HL x CD3 HL	BC C3 33- F9-E6B1-E HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		FTISRDNARNTLYLQMDSLRSEDFAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTLTIVSSGGGSGGGGGGGG
221	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH CDR1	aa	NFDMA	GGSDYTLTISLQPEDFAVYYCMGQTISSYTFQCQGTLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLRL
222	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH CDR2	aa	SLTTGADHAIYADSVKG	LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLVWVARSRYNNVATYVADSVKDRFTISRDNARNTLYLQMD
223	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH CDR3	aa	HGYIDGYHLFDY	NLKTEDTAVYYCVRHGNGFNHSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGGGGGGQTVTVTQEPRLTWS
224	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL CDR1	aa	RASQGISNLYN	PGGTVTLTFCGSGTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGTFKLPAGTTPARFSGSLLGKAAALTLGCV
225	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL CDR2	aa	YTSNLIQS	QPEDEAEYYCVLMYSNRNVFSGGTKLTVL
226	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL CDR3	aa	MGQTISSTY	
227	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSITTTGADHAIYADSVSKGR

[0589]

228	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL	aa	FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGLTVTVSS
229	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	scFv	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNVLNYYQQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGGSGS GDTFTLTSSLPQPEDFATYYCMGTIISSTYTFGQTKLEIK
230	BCMA-23 HL x CD3 HL	BC C3 33- F10-E6B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNEDMAVRQAPAKGLEWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGG GSDIQTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNVLNYYQQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGGSGG GSGTDFLTITSSLPQPEDFATYYCMGTIISSTYTFGQTKLEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNEDMAVRQAPAKGLEWVSSITTGADHAIYADSVKGRFTISRDTSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNGFNYSISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGGQTVVTVQEPSTLTVS PGTFTLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQQKPGAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGKAAITLSGV QPEDEAEYVCYLWYSNRWVEGGTKLTVL
231	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH CDR1	aa	DYYIN
232	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG
233	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH CDR3	aa	LYDYDNYFDV
234	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNSNGNTYLH
235	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS
236	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL CDR3	aa	AETSHVPWT
237	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYSCKASGYSPDYINWVRQAPGGGLEWNGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMRDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDNYFDVWGQGTMTVTVSS
238	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL	aa	DIVMTQTPSLSVTPGQSPASISCKSSQSLVHNSNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPEDRF SGSGSGTDFTLKINRVEAEADVGVVYCAETSHVPWTGQTKLEIK
239	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYSCKASGYSPDYINWVRQAPGGGLEWNGWIIYFASGNSEYNQKFTGR

240	BCMA-24 HL x CD3 HL	BC B6 64- H5-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSHNGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYICAETSHVETFGQGTKEIK QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSHNGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYICAETSHVETFGQGTKEIKSGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPFGKLEWVARIRSKNNYATYADSVKDRFTISRDSKNTAYL QNNLKATETDVTAVYCVPRHGFNGSYISYAWYWGQGTILVTVSSGGSGGGSGGGSGQIVTVTFPPSL TVSPGQTVTLTGSGSTGAVTSGNYENWYQKPGQAPRGLISGTFKFLAPGTFAFSGSLLGGKAALT SGVQPEDEAEYCYCLWYSNRWVFGGKTLTVL
241	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH CDR1	aa	DYYIN
242	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH CDR2	aa	WIFYFASGNSEYNQKFTG
243	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
244	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSHNGNTYLH
245	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL CDR2	aa	KVSNRFS
246	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL CDR3	aa	LTTSHVPWT
247	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSHNGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYICLTSHVETFGQGTKEIK
248	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSHNGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYICLTSHVETFGQGTKEIK
249	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSHNGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYICLTSHVETFGQGTKEIK
250	BCMA-25 HL x CD3 HL	BC B6 64- H5-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS

[0590]

						DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTLTKINRVAEDVGVIYCLTTSHPWTFQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGSLVQPGG SLKLSCAASGFTENKYNMWRQAPGKGLEWVARISKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISWAYWGQGTILVTSSGGGGSGGGGSGQTIVTQEPFL TVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGGTFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT SGVQFEDEAEIYCVLWISNRWVFGSGTKLTVL
251	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH CDR1	aa	DYI IN	
252	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNQKFTG	
253	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
254	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH	
255	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
256	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL CDR3	aa	AETSHVFWT	
257	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAGSYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS	
258	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL	aa	DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTLTKISRVAEDVGVIYCAETSHVFWTFQGTKLEIK	
259	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAGSYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGGGSGGGGSGGGS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTLTKISRVAEDVGVIYCAETSHVFWTFQGTKLEIK	
260	BCMA-26 HL x CD3 HL	BC B6 65- B5-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAGSYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGGGSGGGGSGGGS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTLTKISRVAEDVGVIYCAETSHVFWTFQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGSLVQPGG SLKLSCAASGFTENKYNMWRQAPGKGLEWVARISKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISWAYWGQGTILVTSSGGGGSGGGGSGQTIVTQEPFL TVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGGTFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT	

[0591]

						SGVQPEDEAEYYCVLWYNNRWVFGGGLTLVL
261	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH CDR1	aa		DYYIN
262	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH CDR2	aa		WIYFASGNSEYNQKFTG
263	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH CDR3	aa		LYDYDWYFDV
264	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL CDR1	aa		KSSQSLVHNGNTYLH
265	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL CDR2	aa		KVSNRFS
266	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL CDR3	aa		LTTSHPWT
267	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH	aa		QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGGQGLEWMGMWYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYSS
268	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL	aa		DIIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHLYLQKFGQSPQLLIYKVSNNRFSGYVDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTGQGTKEIK
269	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGGQGLEWMGMWYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYSSGGGSGGGSGGGG DIIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHLYLQKFGQSPQLLIYKVSNNRFSGYVDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTGQGTKEIK
270	BCMA-27 HL x CD3 HL	BC B6 65- B5-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGGQGLEWMGMWYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYSSGGGSGGGSGGGG DIIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHLYLQKFGQSPQLLIYKVSNNRFSGYVDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTGQGTKEIK SLKLSCAASGFTENKYNAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTLSRDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYICVRHGFNGSYISYWAYWGQGTMTVYSSGGGSGGGSGGGGSGTIVTQEPFL TVSPGGTITLTGSGSTCAVTSGNYENWVQKQAPRGLIGGTFELAPGTFAFSGSLIGGKKAALTL SGVQPEDEAEYYCVLWYNNRWVFGGGLTLVL
271	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH CDR1	aa		DYYIN
272	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH CDR2	aa		WIYFASGNSEYNQKFTG

[0592]

273	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
274	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH	
275	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
276	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL CDR3	aa	AETSHVPWT	
277	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDIAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYVSS	
278	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL	aa	DIAMTQTPLSLSVSPGPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPEDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCAETSHVTEGGQTKLEIK	
279	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDIAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYVSSGGSGSGSGSGSGGS DIAMTQTPLSLSVSPGPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPEDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCAETSHVTEGGQTKLEIK	
280	BCMA-28 HL x CD3 HL	BC B6 65- H7-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDIAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYVSSGGSGSGSGSGSGGS DIAMTQTPLSLSVSPGPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPEDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCAETSHVTEGGQTKLEIKSGSGSGSEVQLVESGGGLYQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWYARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNIKTEDTAVYCYVRHGFNGSIYSYWAYWGQGTLVTVSSGGSGSGSGSGSGSQTVVTTQPEPSL TVSPGGTVTLTGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLISGTFKFLAPGTFAFSGSLLGGKAAJTL SGVQPEDEAEIYCVLWYISNRWVFGGTKLTVL	
281	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH CDR1	aa	DYYIN	
282	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNQKFTG	
283	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
284	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH	
285	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL CDR2	aa	KVSNRFS	

[0594]

286	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL CDR3	aa	LITTSHPVWT	
287	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS	
288	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL	aa	DIWMTQTPLSLSPGQSPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLTTSHPVWTFQGTGLEIK	
289	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGS DIWMTQTPLSLSPGQSPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLTTSHPVWTFQGTGLEIK	
290	BCMA-29 HL x CD3 HL	BC B6 65- H7-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGS DIWMTQTPLSLSPGQSPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLTTSHPVWTFQGTGLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QNNLKTEDTAVYCVRHGNTFNSYLSYWAYWGQGLTVTSSGGGSGGGGSGGGGQTVVTTQEPFL TVSPGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLISGTRFLAPGTPARFSGSLLGKKAALT SGVQPEDEAEFYCVLWYNSNRWTFGGGTNLTVL	
291	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH CDR1	aa	DYYIN	
292	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG	
293	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
294	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNSGNTYLH	
295	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
296	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VL CDR3	aa	AETSHVPWT	
297	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS	
298	BCMA-30	BC B6 65-	VL	aa	DIWMTQTPLSLSPGQSPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF	

[0595]

		H8-A4				SGSGSGADFTLKISRVEADVGYYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
299	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	scFv	aa		QVQLVSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTROTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLVTGPEPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVDFR SGSGSGADFTLKISRVEADVGYYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
300	BCMA-30 HL x CD3 HL	BC B6 65- H8-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTROTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLVTGPEPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVDFR SGSGSGADFTLKISRVEADVGYYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
301	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH CDR1	aa		DYYIN
302	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH CDR2	aa		WIYFASGNSEYNQKFTG
303	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH CDR3	aa		LYDYDWYFDV
304	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL CDR1	aa		KSSQSLVHNSGNTYLH
305	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL CDR2	aa		KYSNRES
306	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL CDR3	aa		LITSHVFWT
307	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH	aa		QVQLVSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTROTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS
308	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL	aa		DIVMTQTPLSLVTGPEPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVDFR SGSGSGADFTLKISRVEADVGYYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
309	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	scFv	aa		QVQLVSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTROTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGSGGGGS DIVMTQTPLSLVTGPEPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVDFR SGSGSGADFTLKISRVEADVGYYCAETSHVFWTFCQGTKEIK

310	BCMA-31 HL x CD3 HL	BC B6 65- H8-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPDYYINWVRQAPQGQLEWNGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDMYEDVWGQTMVTYVSSGGGGGGGGGGGG DLVMTQTPLSLSTVTPGEPASISCKSSQSLVHNSNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGADFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTFGQGTLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWEVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYICVRHGFNGSYISYWAYWQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGTQVTVTFPSL TVSPGSGTVLTTCGSSGTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTRKELAPGTPARFSGSLLGGKAAITL SGVQPEDEAEYCYLVWYSNRWVFGGTCLTVL
311	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH CDR1	aa	NHIIH
312	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH CDR2	aa	YINPYGYYHAYNEKFGQ
313	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTDVLDY
314	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYIN
315	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
316	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
317	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNTHIIHWVRQAPQGQLEWNGYINPYGYYHAYNEKFGGR ATMTSDTSTSTVYVMESSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDVLDYWGQGTIVTVSS
318	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQQEDIAITYCQQGNTLPWTFGQGTKEIK
319	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNTHIIHWVRQAPQGQLEWNGYINPYGYYHAYNEKFGGR ATMTSDTSTSTVYVMESSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDVLDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSGTDFTFITISLQQEDIAITYCQQGNTLPWTFGQGTKEIK
320	BCMA-32 HL x CD3 HL	BC A7 27- A6-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNTHIIHWVRQAPQGQLEWNGYINPYGYYHAYNEKFGGR ATMTSDTSTSTVYVMESSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDVLDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSGTDFTFITISLQQEDIAITYCQQGNTLPWTFGQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWEVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTTISRDDSKNTAYLQMN

[0597]

[illegible]

332	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VH CDR2	aa	YINPYGYNHAYNEKFGQ	
333	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTVDLDY	
334	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN	
335	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT	
336	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
337	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYNHAYNEKFGQR ATMTSETSTSTVYMEISLSSLSRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG	
338	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVFSPRFGSGS GTDFTFTISSELEPEDIATYYCQOGNTLPWTFGQGTKEIK	
339	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYNHAYNEKFGQR ATMTSETSTSTVYMEISLSSLSRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVFSPRFGSGS GSGTDFTFITISSELEPEDIATYYCQOGNTLPWTFGQGTKEIK	
340	BCMA-34 HL x CD3 HL	BC A7 27- C4-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYNHAYNEKFGQR ATMTSETSTSTVYMEISLSSLSRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVFSPRFGSGS GSGTDFTFITISSELEPEDIATYYCQOGNTLPWTFGQGTKEIKVSKGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGQGLEWVARISRKNNTATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTATYYCYRHGNGFNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGQTIVTQEPSELTVS FGGTITLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQQKPKAPRGLIGGKELAPGTFARFSGSLIGGKAAITLSGV QPDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL	
341	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH CDR1	aa	NHIIH	
342	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH CDR2	aa	YINPYDGGDYNEKFGQ	
343	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH CDR3	aa	DGYRDADVDLY	
344	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN	

[0598]

[0599]

345	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL CDR2	aa	YTSRLHT
346	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
347	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGWGDYNEKFPQGR ATMTSDTSTSTVIMELSLRSEDITAVYYCARDGYRDADVLIDYWGQGLTLVTSS
348	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GTDFETISLEPEDIATYYCQCGNTLPWTFGGTKVEIK
349	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPKASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGWGDYNEKFPQGR ATMTSDTSTSTVIMELSLRSEDITAVYYCARDGYRDADVLIDYWGQGLTLVTSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GSDTDFETISLEPEDIATYYCQCGNTLPWTFGGTKVEIK
350	BCMA-35 HL x CD3 HL	BC A7 27- C4-H11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPKASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGWGDYNEKFPQGR ATMTSDTSTSTVIMELSLRSEDITAVYYCARDGYRDADVLIDYWGQGLTLVTSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GSDTDFETISLEPEDIATYYCQCGNTLPWTFGGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLNVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNEGNSYISYWAYWGQGLTLVTSSGGSGSGSGSGGQTIVTQEP8LTVS FGGTITLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQQKPKAPGLIGGTRFLAPGTFARFSGSLIGGKAALTLSGV QFEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGTRITVL
351	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH CDR1	aa	NHIIH
352	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH CDR2	aa	YINPYPGYHAYNQKRFQ
353	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTDVLIDY
354	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
355	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
356	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
357	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNQKRFQGR

[0600]

358	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL	aa	VIMTRDKSTSTVYMESSLTSEDITAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSS DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAPKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GTDYSFTISSLQPEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK
359	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFNTHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNQKFKQGR VIMTRDKSTSTVYMESSLTSEDITAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAPKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GGSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAPKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GGSDIYSETISSLQPEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK
360	BCMA-36 HL x CD3 HL	BC A7 15- H2-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFNTHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNQKFKQGR VIMTRDKSTSTVYMESSLTSEDITAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAPKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GGSDIYSETISSLQPEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK LSCAASGETENKVMNWRQAPGKGLGWLRVRSKNNIATYIADSVDRFTISRDSKNTATYIQMN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISWAYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGGSGGTAVTQEPSTLTVS PGGTVTILTCGSSTGAVTSGNYPNWYQKPGQAPRGLIGGTRFLAPGTARFSGSILGGKALITISGY QPEDEAEYCYVLMYSNRWVFGGTKLTVL
361	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH CDR1	aa	NHIIH
362	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH CDR2	aa	VINPYDGGWDYNNQKFGQ
363	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH CDR3	aa	DGYRDAVDLDY
364	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
365	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL CDR2	aa	YTSRLHT
366	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
367	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFNTHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNNQKFKQGR VIMTRDKSTSTVYMESSLTSEDITAVYICARDGYRDAVDLDYWGQGLTVTVSS
368	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAPKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GTDYSFTISSLQPEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK
369	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	scFv	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFNTHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNNQKFKQGR

[0601]

					VTMTDKSTSTVTMELSSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTVTSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCOASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPFSGS GSGTDYSETISSLQPEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK
370	BCMA-37 HL x CD3 HL	BC A7 15- H2-H11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVIRPGASVKVSKASGYTFDTHIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDCWGDYNQKPGGR VTMTDKSTSTVTMELSSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTVTSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCOASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPFSGS GSGTDYSETISSLQPEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDTSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLTVTSSGGGGGGGGGGSTVTVTQEPSTLTVS PGGVTLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGKRAALTLSGV QPEDEAEYYCVLMWYSNRWVFGGGTKLTVL
371	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH CDR1	aa	NHIIH
372	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH CDR2	aa	YINPYGHHAYNQRKFG
373	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTDVLDY
374	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
375	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
376	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL CDR3	aa	QCGNTLPWT
377	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVIRPGASVKVSKASGYTFDTHIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYGHHAYNQRKFGK VTMTDKSTSTVTMELSSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTVTSS
378	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASISGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPFSGSGS GTDFTFTTISLQQEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK
379	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVIRPGASVKVSKASGYTFDTHIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYGHHAYNQRKFGK VTMTDKSTSTVTMELSSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTVTSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASISGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPFSGS GSGTDFTFTTISLQQEDIAITYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK
380	BCMA-38 HL x CD3 HL	BC A7 15- H8-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVIRPGASVKVSKASGYTFDTHIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYGHHAYNQRKFGK VTMTDKSTSTVTMELSSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTVTSSGGGGGGGGGG

						GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGS GSGTDFTTISLQQEDIAITYCQCGNTLPWTFGGTKVEIKSGGGSEVLVEGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYGQGTLTVTSSGGGGSGGGSGGSGTIVVTQEPGLTWS PGGTVTLTQGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRNVEGGGKLTVL
381	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH CDR1	aa	NHIIH	
382	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH CDR2	aa	YINPYDGMGDYNQRFQG	
383	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH CDR3	aa	DGIYRDADVLDY	
384	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN	
385	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL CDR2	aa	YTSRLHT	
386	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
387	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH	aa	QVQLVQSGAEVIRKPGASVKVSKRSGSYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYDGMGDYNQRFQGR VTMTRDTSTSTVIMELSSLTSEDVAVYCARDGYRDADVLDYWGQGTLTIVSS	
388	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS GTDFTTISLQQEDIAITYCQCGNTLPWTFGGTKVEIK	
389	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	scFv	aa	QVQLVQSGAEVIRKPGASVKVSKRSGSYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYDGMGDYNQRFQGR VTMTRDTSTSTVIMELSSLTSEDVAVYCARDGYRDADVLDYWGQGTLTIVSSGGGGSGGGSGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGS GSGTDFTTISLQQEDIAITYCQCGNTLPWTFGGTKVEIK	
390	BCMA-39 HL x CD3 HL	BC A7 15- H8-H11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVIRKPGASVKVSKRSGSYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYDGMGDYNQRFQGR VTMTRDTSTSTVIMELSSLTSEDVAVYCARDGYRDADVLDYWGQGTLTIVSSGGGGSGGGSGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGS GSGTDFTTISLQQEDIAITYCQCGNTLPWTFGGTKVEIKSGGGSEVLVEGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYGQGTLTVTSSGGGGSGGGSGGSGTIVVTQEPGLTWS PGGTVTLTQGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV	

						QFEDAEYCYCLWYSNRWVFGGTKLTVL
391	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH CDR1	aa		DYYIN
392	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH CDR2	aa		WIFYFASGNSEYNQKFTG
393	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH CDR3	aa		LYDYDWYFDV
394	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL CDR1	aa		KSSQSLVHSGNGTYLH
395	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL CDR2	aa		KVSNRFS
396	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL CDR3	aa		SQSSTAPWT
397	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS
398	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL	aa		DIWMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHSGNGTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSSTAPWTFGQGTKEIK
399	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGGS DIWMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHSGNGTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSSTAPWTFGQGTKEIK
400	BCMA-40 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- D4-A12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGGS DIWMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHSGNGTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSSTAPWTFGQGTKEIKSGGGSGGVQLVESGGGLYQPGG SLKLSCAASGFTENKYMNNWVRQAPGKGLWEVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QANNLKTEDTAVYICVRHGFNGSYISYWAYWGQGTILTVSSGGSGGGSGGGSGGVQLVVTQEPFL TVSPGGTIVLTTCGSSTCAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGTAFELAPGTARFSSSLGGKAALT SGVQFEDAEYCYCLWYSNRWVFGGTKLTVL
401	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VH CDR1	aa		DYYIN
402	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VH CDR2	aa		WIFYFASGNSEYNQKFTG

[0603]

[0604]

403	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
404	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH
405	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
406	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	VL CDR3	aa	SQSSIYPWT
407	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFDPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSLSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDWDYFDVWGQGTMTVYSSGGSGGGGGGGGG
408	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	VL	aa	DIWMTQTPLSLPVTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGYVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDGVYCSQSSIYFWTEGQGTLEIK
409	BCMA-41	BC 7A4 96-D4-D7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFDPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSLSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDWDYFDVWGQGTMTVYSSGGSGGGGGGGGG DIWMTQTPLSLPVTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGYVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDGVYCSQSSIYFWTEGQGTLEIK
410	BCMA-41 HL x CD3 HL	BC 7A4 96-D4-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFDPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSLSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDWDYFDVWGQGTMTVYSSGGSGGGGGGGGG DIWMTQTPLSLPVTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGYVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDGVYCSQSSIYFWTEGQGTLEIK SLKLSAASGFTENKYAMNWRQAPGKGLEWYARIRSKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYCYVRHNGFNSYISYWAYWGQGTLLVTVSSGGSGGGGGGGGGQTVVVTQEPSSL TVSPGGTVTLTGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLISGTRFLAPGTAPRFPSSLLGGKAAITL SGVQFEDEAEIYCVLIWYSNRWVFGGGLTVL
411	BCMA-42	BC 7A4 96-D4-E7	VH CDR1	aa	DYYIN
412	BCMA-42	BC 7A4 96-D4-E7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG
413	BCMA-42	BC 7A4 96-D4-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
414	BCMA-42	BC 7A4 96-D4-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH
415	BCMA-42	BC 7A4 96-D4-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS

[0605]

416	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT	QVQLVQSGAEVKPKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS
417	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VH	aa		DIWMTQTPISLPTLGOPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCSQSTYPEFTFCQGTKEIK
418	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VL	aa		QVQLVQSGAEVKPKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSSGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCSQSTYPEFTFCQGTKEIK
419	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKPKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSSGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCSQSTYPEFTFCQGTKEIK
420	BCMA-42 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- D4-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKPKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSSGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCSQSTYPEFTFCQGTKEIK SLKLSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QNNLKTEDTAVYICVRHGRFGNSYLSYWAYWQGTLLVTSSSGSGSGSGSGSGSGTQVVTQEPFSL TVSPGGTITLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGTRFLAPGTTPARFSGSLGKAAALTL SGVQPEDEARFYCVLWYNSNRWVFGGTKLTVL
421	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH CDR1	aa	DYYIN	
422	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG	
423	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
424	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSNGNTYLH	
425	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
426	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VL CDR3	aa	SQSSTAPWT	
427	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKPKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS	
428	BCMA-43	BC 7A4 96-	VL	aa	DIWMTQTPISLPTLGOPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR	

[0606]

		F4-A12		scFv	aa	SGSGSGTDTLTKISRVEAEDVGYVYCSQSTAPWTFCQGTKEIK
429	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12			aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWMYFDVWGQGTMTVSSGGSGSGSGSGSGGS DIVMTQTPLSLVTTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDTLTKISRVEAEDVGYVYCSQSTAPWTFCQGTKEIK
430	BCMA-43 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- F4-A12 HL x CD3 HL		bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWMYFDVWGQGTMTVSSGGSGSGSGSGGS DIVMTQTPLSLVTTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDTLTKISRVEAEDVGYVYCSQSTAPWTFCQGTKEIK
431	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VH CDR1	aa	DYIYN
432	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VH CDR2	aa	WIFYFASGNSEYNQKFTG
433	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VH CDR3	aa	LYDYDWMYFDV
434	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH
435	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VL CDR2	aa	KVSNRFS
436	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VL CDR3	aa	SQSSIYFWT
437	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWMYFDVWGQGTMTVSS
438	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		VL	aa	DIVMTQTPLSLVTTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDTLTKISRVEAEDVGYVYCSQSTAPWTFCQGTKEIK
439	BCMA-44	BC 7A4 96- F4-D7		scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYSFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTISITAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWMYFDVWGQGTMTVSSGGSGSGSGSGGS DIVMTQTPLSLVTTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDTLTKISRVEAEDVGYVYCSQSTAPWTFCQGTKEIK

440	BCMA-44 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- F4-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSISTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS DIVMTPTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTVLHWYLRKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSYIYFWTQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAEKGLIEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTTISRDSSKNTAYL QNNLKATEDTAVYCYVRHGNFNSYISYWAYWQGTTLTVSSGGGGSGGGSGGGSGGTVTVTQEFSL TVSPGGTVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGGLIGGTRFLAPGTPARFSGSLGGKAALT SGVQPEDEAEYCYVLIWYNSNRWVFGGTKLTVL
441	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH CDR1	aa	DYYIN
442	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH CDR2	aa	WYFASGNSEYNQKFTG
443	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
444	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNSNGNTYLH
445	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
446	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT
447	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSISTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS
448	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL	aa	DIVMTPTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTVLHWYLRKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSYIYFWTQGTKEIK
449	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSISTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS DIVMTPTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTVLHWYLRKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSYIYFWTQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAEKGLIEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTTISRDSSKNTAYL
450	BCMA-45 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- F4-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSISTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS DIVMTPTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTVLHWYLRKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSYIYFWTQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAEKGLIEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTTISRDSSKNTAYL

451	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH CDR1	aa	QNNLKTEDTAVYCVRHGNGFNYSI SYAWYWGQGTLYTVSSGGGGGGGGGGGGSGTQVTVTQEPPL TVSPGGTDTLTCGSSGTGAVTSGNY PNWVQKFGQAPRGLIGTKFLAPGT PARFSGSLILGKAALTL SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
452	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH CDR2	aa	DYYIN WLYFASGNSEYNEKFTG
453	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH CDR3	aa	LYDXDWYFDV
454	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL CDR1	aa	KSSQLVHSHNGNTYLH
455	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL CDR2	aa	KVSNRF'S
456	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL CDR3	aa	SQSSTAFWT
457	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYCKASGYSFPDYYINWVRQAPGGGLEWNGWLYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRETSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTWTVSS
458	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL	aa	DIWMTQTPLSLVSLSLGPASISCKSSQSLSVHSHNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDWGVVYCSQSSTAFWTFGGTKLEIK
459	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYCKASGYSFPDYYINWVRQAPGGGLEWNGWLYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRETSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTWTVTSSGGGGGGGGGGGGGS DIWMTQTPLSLVSLSLGPASISCKSSQSLSVHSHNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDWGVVYCSQSSTAFWTFGGTKLEIK
460	BCMA-46 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- G2-A12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYCKASGYSFPDYYINWVRQAPGGGLEWNGWLYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRETSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTWTVTSSGGGGGGGGGGGGGS DIWMTQTPLSLVSLSLGPASISCKSSQSLSVHSHNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDWGVVYCSQSSTAFWTFGGTKLEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGTFENYAMNWVRQAPGKGLWEVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTTISRDDSRNTAYL QNNLKTEDTAVYCVRHGNGFNYSI SYAWYWGQGTLYTVSSGGGGGGGGGGGGSGTQVTVTQEPPL TVSPGGTDTLTCGSSGTGAVTSGNY PNWVQKFGQAPRGLIGTKFLAPGT PARFSGSLILGKAALTL SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
461	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH CDR1	aa	DYYIN

462	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH CDR2	aa	WLYFASGNSSEYNEKFTG
463	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDW
464	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNGNTYLH
465	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
466	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL CDR3	aa	SQSSITYPWT
467	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH	aa	QVQLVQSGREVKKPGASVKYCKCKASGYSPFDYYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSSEYNEKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYSS
468	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL	aa	DIWMTQTPLSLVSLSGQPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYFCSSQSSIVFTWFGQGTGLEIK
469	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYCKCKASGYSPFDYYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSSEYNEKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYSSGGGSGGGGGGGGGGGG DIWMTQTPLSLVSLSGQPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYFCSSQSSIVFTWFGQGTGLEIK
470	BCMA-47 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- G2-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKYCKCKASGYSPFDYYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSSEYNEKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVYSSGGGSGGGGGGGGGGGG DIWMTQTPLSLVSLSGQPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYFCSSQSSIVFTWFGQGTGLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLCAAGSFTEFKYAMNIVRQAPGKGLEWYARIRSKYNNTATYVADSKDRFTTISRDSRNNTAYL QANLKTEDTAVYICVRHGFNGSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGSGGGGSGGSGQTIVTVQEPPL TVSPGQTVPLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLISGTFKFLAPGTPARFSGSLIIGKRAALT SSGQPEDEREYYCYLWYSNRWVFGSGTKLTVL
471	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH CDR1	aa	DYYIN
472	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH CDR2	aa	WLYFASGNSSEYNEKFTG
473	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDW
474	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNGNTYLH

475	BCMA-48	BC 7A4 96-G2-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWNGMIYFASGNSSEYNEKFTGR
476	BCMA-48	BC 7A4 96-G2-E7	VL CDR3	aa	SQSTYFEFT	VTMTDTSSTAYMELSLRSEDNAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGTMTVTVSS
477	BCMA-48	BC 7A4 96-G2-E7	VH	aa		QVQLVQSGREVKKPGASVKYCKASGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWNGMIYFASGNSSEYNEKFTGR VTMTDTSSTAYMELSLRSEDNAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGTMTVTVSS
478	BCMA-48	BC 7A4 96-G2-E7	VL	aa		DIWMTQTPLSLVSLGQPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPLLIIYKVSNRFSQVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYFEFTFGQGTKEIK
479	BCMA-48	BC 7A4 96-G2-E7	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWNGMIYFASGNSSEYNEKFTGR VTMTDTSSTAYMELSLRSEDNAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGTMTVTVSSGGGSGGGSGGGGGG DIWMTQTPLSLVSLGQPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPLLIIYKVSNRFSQVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYFEFTFGQGTKEIK
480	BCMA-48 HL x CD3 HL	BC 7A4 96-G2-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGREVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWNGMIYFASGNSSEYNEKFTGR VTMTDTSSTAYMELSLRSEDNAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGTMTVTVSSGGGSGGGSGGGGGG DIWMTQTPLSLVSLGQPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPLLIIYKVSNRFSQVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYFEFTFGQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCRAAGFTPKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYVADSVKDRFTISRDDSKNTAYIL QNNLKLTEDTAYIYCVRHGNGFNYSIISYNAIWGQGTILVTVSSGGGSGGGSGGGGSGTIVTVQEPPL TVSPGGTIVTLTGCSGCAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGILGSKTFLAPGTPARFSGSLISGKRAALT SGVQPEDEAEYIYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
481	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VH CDR1	aa	DYIN	
482	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VH CDR2	aa	WIYFASGNSSEYNNQKFTG	
483	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDW	
484	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNGNTYLH	
485	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
486	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VL CDR3	aa	SQSSTAPWT	
487	BCMA-49	BC 7A4 97-A3-A12	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKYCKASGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWNGMIYFASGNSSEYNNQKFTGR

[0611]

488	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VL	aa	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSEDTAIVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTWTVTVSS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIIYCSQSSSTAPWTFGGQGTKEIK
489	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSKKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWIFYFASGNSSEYNKQKFTGR VTWTRDTSINTAYMELSSLTSEDTAIVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTWTVSSGGGGSGGGSGGGGGS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIIYCSQSSSTAPWTFGGQGTKEIK
490	BCMA-49 HL x CD3 HL	BC 7A4 97- A3-A12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSKKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWIFYFASGNSSEYNKQKFTGR VTWTRDTSINTAYMELSSLTSEDTAIVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTWTVSSGGGGSGGGSGGGGGS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIIYCSQSSSTAPWTFGGQGTKEIKSGSLCAASGFTFNKYAMNWRQAPCKGLSEWVARIRSKYNNYATYADSVKDRFTTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAIVYCVRAHNGFNENSYLSYMAIYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGGGSGQTWTVTQEPSL TVSPGGTIVTLTCGSSSTGCAVTSNGYFNWVQQKPGQAPRGLIGGTFELAPGTPARFSGSLLGSKAAITL SGVQPEDEAEYICVLWYSNRWVFGGQTKLTVL
491	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH CDR1	aa	DYYIN
492	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSSEYNQKFTG
493	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
494	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSNGNTYLH
495	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
496	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL CDR3	aa	SQSSIYPWT
497	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSKKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWIFYFASGNSSEYNKQKFTGR VTWTRDTSINTAYMELSSLTSEDTAIVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTWTVTVSS
498	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL	aa	DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIIYCSQSSSTAPWTFGGQGTKEIK
499	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSKKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWIFYFASGNSSEYNKQKFTGR

[0612]

500	BCMA-50 HL x CD3 HL	BC 7A4 97- A3-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTQTSINTAYMELSSLTSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGSGSGSGSGSGGS DIVMTQPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYCSQSIIYFWTFQGTKEIK
501	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VH CDR1	aa	DYIYN
502	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG
503	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
504	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNSNGNTYLH
505	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
506	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT
507	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTQTSINTAYMELSSLTSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS
508	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	VL	aa	DIVMTQPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYCSQSIIYFWTFQGTKEIK
509	BCMA-51	BC 7A4 97- A3-E7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTQTSINTAYMELSSLTSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGSGSGSGSGGS DIVMTQPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNSNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYCSQSIIYFWTFQGTKEIK
510	BCMA-51 HL x CD3 HL	BC 7A4 97- A3-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTQTSINTAYMELSSLTSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGSGSGSGSGGS

511	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH CDR1	aa	NAWMD DI VMTQPLSLSVTFPGQPAISICKSSQSLVHNSGNTYILHWYLQKPGQSPQLLIYKVSINRFGSGVDFRF SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGIIYCSQSTVPFTFGQGTKLKIKSGGGSEVQLVSGGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTIISRDDSKNTAYIL QMNNILKTEDTAVYICVRHGFNGNSYISYWAYWGQGTLLVTSSGGGGGGGGGGGGSTVTVQPEPSL TVSPGQTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWYQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARTFSGSLILGGKAAULTL SGVQPEDEAEYYCVLIWYSINRWVFCGGTKLTVL
512	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH CDR2	aa	QITAKSNNNYATYYAEVPVK QITAKSNNNYATYYAEVPVK
513	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH CDR3	aa	DGYH DGYH
514	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA RASEDIRNGLA
515	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL CDR2	aa	NANSLHT NANSLHT
516	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL CDR3	aa	EDTSKYPT EDTSKYPT
517	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH	aa	EVQLVESGGGLVKGESLRLSCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKRLEWVAQITAKSNNNYATYYAEVPK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTLLTVSS GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTLLTVSS
518	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL	aa	AIQMTPSSLSASVGETVITACRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPRESGSGS GTEFTLKISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFCGGTKLEIK AIQMTPSSLSASVGETVITACRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPRESGSGS
519	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	scFv	aa	EVQLVESGGGLVKGESLRLSCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKRLEWVAQITAKSNNNYATYYAEVPK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLRSASVGETVITACRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPRESGSGSGTEF TLKISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFCGGTKLEIK EVQLVESGGGLVKGESLRLSCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKRLEWVAQITAKSNNNYATYYAEVPK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLRSASVGETVITACRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPRESGSGSGTEF TLKISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFCGGTKLEIK
520	BCMA-52 HL x CD3 HL	BC E11 19- F11-F8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVKGESLRLSCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKRLEWVAQITAKSNNNYATYYAEVPK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLRSASVGETVITACRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPRESGSGSGTEF TLKISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFCGGTKLEIKSGGGSEVQLVSGGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTIISRDDSKNTAYIQMNNILKTED TAVYICVRHGFNGNSYISYWAYWGQGTLLVTSSGGGGGGGGGGGGSTVTVQPEPSLTVSPGQTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWYQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARTFSGSLILGGKAAULTL SGVQPEDEAEYYCVLIWYSINRWVFCGGTKLTVL

						EYYCVLWYSNRWVFGGKLTVL
521	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH CDR1	aa		NAWMD
522	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH CDR2	aa		QITAKSNNYATYYAAPVKG
523	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH CDR3	aa		DGYH
524	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL CDR1	aa		RASEDIRNGLA
525	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL CDR2	aa		NANSLHS
526	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL CDR3	aa		EDTSKYPT
527	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH	aa		EYQLVESGGGLVKPGEISRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWGGTTLVTSS
528	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL	aa		ATQMTQSPSSLSASVGDRTVTKCRASEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSMQPEDEGTYYCEDTSKYPTFGQGTKEIK
529	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	scFv	aa		EYQLVESGGGLVKPGEISRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWGGTTLVTSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGDRTVTKCRASEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGGTDF TQSPSSLSASVGDRTVTKCRASEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGGTDF TUTISSMQPEDEGTYYCEDTSKYPTFGQGTKEIK
530	BCMA-53 HL x CD3 HL	BC E11 19- G3-F8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EYQLVESGGGLVKPGEISRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWGGTTLVTSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGDRTVTKCRASEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGGTDF TUTISSMQPEDEGTYYCEDTSKYPTFGQGTKEIK GFTFNKAMNWRQAPGKGLWVARIKSNINNYATYYADSVKDRPTISRDDSKNTLYLQMNLSLKED TAVYYCVRHGNGFNISYISYWAYWGQDTLVTSSGGGGGGGGGGGSGTAVTQEPFSLTVSPGQTVT LTCGSGTAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGKFLAPGTFARFSGSLGGAULTLSGVQPEDEA EYYCVLWYSNRWVFGGKLTVL
531	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH CDR1	aa		NAWMD
532	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH CDR2	aa		QITAKSNNYATYYAAPVKG

[0614]

533	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH CDR3	aa	DGYH	
534	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL CDR1	aa	RASDIRNGLA	
535	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL CDR2	aa	NANSLHT	
536	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL CDR3	aa	EDTSKYPT	
537	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH	aa	EYQVESGGGLVQPGESIRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GFTTSRDSKNTLYLQMSLKKEDEAVYCTDDGYHWGQGLTVSS	
538	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL	aa	ALQMTQSPSSLSASVGRVTIACRASEDIRNGLAWYQKPKGAPKLLIYNANSLHTGVPSPRFSGSGS GTFDTLTITISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFGQTKLEIK	
539	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	scFv	aa	EYQVESGGGLVQPGESIRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GFTTSRDSKNTLYLQMSLKKEDEAVYCTDDGYHWGQGLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGRVTIACRASEDIRNGLAWYQKPKGAPKLLIYNANSLHTGVPSPRFSGSGTDF TLTISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFGQTKLEIK	
540	BCMA-54 HL x CD3 HL	BC E11 19- B2-F8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EYQVESGGGLVQPGESIRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GFTTSRDSKNTLYLQMSLKKEDEAVYCTDDGYHWGQGLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGRVTIACRASEDIRNGLAWYQKPKGAPKLLIYNANSLHTGVPSPRFSGSGTDF TLTISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFGQTKLEIKSGGGGSEYQLVSGGGGLVQPGGSLKLSAAS GFTFNKYAMNWRQAPGKRLIEWIARSKYNNATYYADSVKDAFTISRDDSKNTAYLQNNLKTED TAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVSSGGGGGGGGGQTVVTFEPLTVSPGQTVT LTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTKFTLAPGTPARPSGSLGGKALTLGSGVQPEDEA EYCYVLWYSNRWVFGGGLTVL	
541	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH CDR1	aa	NAWMD	
542	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAAPVKG	
543	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH CDR3	aa	DGYH	
544	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL CDR1	aa	RASDIRNGLA	
545	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL CDR2	aa	NANSLHT	
546	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPT	

547	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSS
548	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQOKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGS GTDFTLTISNLPQDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK
549	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	scFv	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQOKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGTDF TLTISNLPQDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK
550	BCMA-55 HL x CD3 HL	BC E11-20- H9-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQOKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGTDF TLTISNLPQDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLWVAIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTLYLQWNNLKTED TAVYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGQTAVTQEPSTLYSPGGTIVT LTCGSSTGAVTSGNYPNWVQOKPGQAPRGLIGGKFTAPGTPARFSGSLGGKALITLGGVQPEDEA EYYCVLWYSNRWTFGGGKLTVL
551	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH CDR1	aa	NAWMD
552	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAEPVKG
553	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH CDR3	aa	DGYH
554	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLIA
555	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL CDR2	aa	NANSLHT
556	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPYT
557	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSS
558	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQOKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGS GTEFTLKISLQPEDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK

[0616]

559	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEITAVYYCTDDGYHWGGTLTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGTAVTACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSTEF TLKISSLQPEDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKEIK
560	BCMA-56 HL x CD3 HL	BC E11-19- F11-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEITAVYYCTDDGYHWGGTLTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGTAVTACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSTEF TLKISSLQPEDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKEIK GFTFNKYAMNHWQAPGKLEWVAHRSKYNAYATYVADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNLIKTEDE TAVYYCVRHGNFQNSYISYIWAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGQTAVYVTFPSLTVSPGSGTDT LTQGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTLSGVQPEDEA EYYCVLWYSNRWVFGGKLTIVL
561	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VH CDR1	aa	NAWMD
562	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAAPVKG
563	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VH CDR3	aa	DGYH
564	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA
565	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VL CDR2	aa	NANSLHT
566	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPYT
567	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEITAVYYCTDDGYHWGGTLTVSS
568	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	VL	aa	AIQMTQSPSSLASVGRVTTACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGS GTDFTLTITSSLQPEDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKEIK
569	BCMA-57	BC E11-19- B2-E9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEITAVYYCTDDGYHWGGTLTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGRVTTACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSTDF TLTITSSLQPEDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKEIK

[0618]

570	BCMA-57 HL x CD3 HL	BC E11-19- B2-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKKEIDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGDRTVIACRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGGTD TLTISSLQPEDEALYYCEEITLKYPYTFQGTGKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWRQAPGKGLIEWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMNILKTED TAVYICVARGNFGNSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGGGGGGQTVVTFPFLVTSFGGTDT LTGSSSTGAVTSGNYENWVQKPGCAPRGLIGGTEKFLAPGTPAREFSGSLGGAALTLGSGVQPEDEA EYCVLWYSNRWVFGGTCLTVL
571	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH CDR1	aa	NAWMD
572	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAAPVKG
573	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH CDR3	aa	DGYH
574	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA
575	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL CDR2	aa	NANSLHS
576	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPYT
577	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKKEIDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSS
578	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL	aa	AIQMTQSPSSLASVGDRTVIKCRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGS GTDFTLTITISSMQPEDECTYYCEEITLKYPYTFQGTGKLEIK
579	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKKEIDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGDRTVIKCRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGGTD TLTISMQPEDECTYYCEEITLKYPYTFQGTGKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWRQAPGKGLIEWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMNILKTED
580	BCMA-58 HL x CD3 HL	BC E11-19- G3-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKKEIDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGDRTVIKCRASEDIRNGLAWYQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGGTD TLTISMQPEDECTYYCEEITLKYPYTFQGTGKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWRQAPGKGLIEWARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMNILKTED

[0619]

[illegible]

592	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG
593	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VH CDR3	aa	HDYDGSYGfAY
594	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
595	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL CDR2	aa	GASNRHT
596	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
597	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTFLVTVSS
598	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GREFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGGTVDIK
599	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGGTVDIK
600	BCMA-60 HL x CD3 HL	BC 5G9-91-C7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGGTVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNRYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNATYADSVKDRFTISRDSNRHTAYLQMN NLKTEDTAVYVCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGGGQTIVVTQEPSTLVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRLLIYGKFLAPGTPARFSGSLLGKKAULTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGTKLTVL
601	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH CDR1	aa	NYDMA
602	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG
603	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH CDR3	aa	HDYDGSYGfAY
604	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD

[0620]

[0621]

605	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL CDR2	aa	GASNRHT	
606	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
607	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGRFTSRDNNKNTLYLQNNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAIWGQGLVTVSS	
608	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIYGASNRHTGIPARFSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQYGSIPFTFGPTKVDIK	
609	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGRFTSRDNNKNTLYLQNNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAIWGQGLVTVSSGGGSGGGSGGGGSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIYGASNRHTGIPARFSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQYGSIPFTFGPTKVDIK	
610	BCMA-61 HL x CD3 HL	BC 5G9-91-E4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGRFTSRDNNKNTLYLQNNLSLSEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAIWGQGLVTVSSGGGSGGGSGGGGSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIYGASNRHTGIPARFSGSGSGTEFTLTISLQSEDFAVYYCQYGSIPFTFGPTKVDIK	
611	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH CDR1	aa	NYDMA	
612	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG	
613	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH CDR3	aa	HDYDGSYGFAI	
614	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD	
615	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL CDR2	aa	GASNRHT	
616	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
617	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGR	

[0622]

618	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL	aa	FTVSRDNSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCVRHVDYDGSYGFAYWGQGLTVVSS
619	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	scFv	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQAEDFAVYCYQYGSIPFTFGPGTKVDIK
620	BCMA-62 HL x CD3 HL	BC 5G9-92-E10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVYQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVASITTSGGDNYYRDSVKGRFTVSRDNSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCVRHVDYDGSYGFAYWGQGLTVVSSGGSGSGSGSGSGSGSGSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQAEDFAVYCYQYGSIPFTFGPGTKVDIK
621	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH CDR1	aa	NYDMA
622	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVKG
623	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH CDR3	aa	QDYVTDYMGFAY
624	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA
625	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL CDR2	aa	GASSLIQD
626	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL CDR3	aa	QQSYKYPLT
627	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVSSISTRGDITSYRDSVKGRFTISRDNARNTLYLQMNLSRAEDTAVYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTVVSS
628	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL	aa	AIQMTQSPFSSLSASVGDITVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGSGTDVTLTISSLPQEDATYYCQQSYKYPLTFGGGTKVEIK
629	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVSSISTRGDITSYRDSVKGR

[0623]

					FTISRDNKNTLLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSMQPEDEATYYCQOSYKYPLTFGGGTKEIK
630	BCMA-63 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKGLIEWYSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSMQPEDEATYYCQOSYKYPLTFGGGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKGLIEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYNAWQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGSGTQVTVQEPFLTVS PGGTTLTCGSTGCAVTSNTPNWPQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLIGKRAALTILSGV QPEDEAEYCYCLWYSNRNVFGGGTKLTVL
631	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH CDR1	aa	NYDMA
632	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVKG
633	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH CDR3	aa	QDYTYDYMGPAY
634	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLIA
635	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL CDR2	aa	GASSLQD
636	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL CDR3	aa	QOSYKYPLT
637	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKGLIEWYSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSS
638	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GTDFTLTISMQPEDEATYYCQOSYKYPLTFGGGTKEIK
639	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKGLIEWYSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTDFTLTISMQPEDEATYYCQOSYKYPLTFGGGTKEIK
640	BCMA-64 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKGLIEWYSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMNLSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG

[0624]

						GSATQMTQSPSSLSASVGDRAVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTDFTLTITSSMQPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGGTVKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVROAPGKGLWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTFLTVTVSSGGGGSGGGGGGSIIVTQEPSTLTVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVFEGGTKLTVL
641	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH CDR1	aa	NYDMA	
642	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVKG	
643	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH CDR3	aa	QDYTYDYGFAV	
644	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	
645	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL CDR2	aa	GASSLQD	
646	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL CDR3	aa	QQSYKYPLT	
647	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMSLRAEDTAVYCARQDYTYDYGFAVWGQGTFLTVSS	
648	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDRAVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTHYTLTITSSLPQPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGGTVKVEIK	
649	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMSLRAEDTAVYCARQDYTYDYGFAVWGQGTFLTVSSGGGGSGGGSGGG GSATQMTQSPSSLSASVGDRAVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTITSSLPQPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGGTVKVEIK	
650	BCMA-65 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- E11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMSLRAEDTAVYCARQDYTYDYGFAVWGQGTFLTVSSGGGGSGGGSGGGGG GSATQMTQSPSSLSASVGDRAVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTITSSLPQPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGGTVKVEIK LSCAASGFTFNKYAMNWVROAPGKGLWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTFLTVTVSSGGGGSGGGGGGSIIVTQEPSTLTVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV	

						QPEDEAEYVCVLWYSNRWVEGGTKLTVL
651	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH CDR1	aa		NYDMA
652	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH CDR2	aa		SISTRGDITSYRDSVKG
653	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH CDR3	aa		QDYITDYMGFAY
654	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL CDR1	aa		RASEDIYNGLA
655	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL CDR2	aa		GASSLQD
656	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL CDR3	aa		AGPHKYPLT
657	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAIWGQGTLTIVSS
658	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL	aa		AIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSLOPEDEATYICAGPHKYPLTGGGKVEIK
659	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAIWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGSGG GSAITQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GGTDYTLTITSSLOPEDEATYICAGPHKYPLTGGGKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLWVARISKNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYICVRHGFNGNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGSGGSGTIVTQEPFLTIVS PGGTITLTGSGSSTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGILIGGKFLAPGTPARFSGSLILGGKAULTLSGV QPEDEAEYVCVLWYSNRWVEGGTKLTVL
660	BCMA-66 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C8-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		
661	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH CDR1	aa		NYDMA
662	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH CDR2	aa		SISTRGDITSYRDSVKG

[0625]

663	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH CDR3	aa	QDIYYTDYMGFAY	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSS
664	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	AIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGSGS GTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
665	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL CDR2	aa	GASSLQD	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR
666	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL CDR3	aa	AGPHKYPLT	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSS
667	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH	aa		AIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGSGS GTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
668	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR
669	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	scFv	aa		FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
670	BCMA-67 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- E11-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
671	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH CDR1	aa	NYDMA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
672	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH CDR2	aa	SISTRGDITTSYRDSVKG	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
673	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH CDR3	aa	QDIYYTDYMGFAY	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
674	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK
675	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL CDR2	aa	GASSLQD	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSISITRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGLTVIVSSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGS GSGTHVTLTITSSLPEDAEATYYCAGPHKYPLTFGGGTKEIK

[0627]

676	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL CDR3	aa	QQSRNYQQT	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSIITRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSS
677	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH	aa		ATQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDQGVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSLPQFEDEATYYCQSRNYQQTFGGKVEIK
678	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSIITRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSSGGGSGGSGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDQGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPQFEDEATYYCQSRNYQQTFGGKVEIK
679	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSIITRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSSGGGSGGSGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDQGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPQFEDEATYYCQSRNYQQTFGGKVEIK
680	BCMA-68 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C8-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSIITRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSSGGGSGGSGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDQGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPQFEDEATYYCQSRNYQQTFGGKVEIK LSRAASGFTFNKYMNNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNEGNSYISYWAYWGQGLTIVTSSGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGG FGGTITLTGSGSTGAVTSGNYPNNWVQKPKAPGLIGTNFLAFGTFAFPFGSLILGGKAAALTLISGV QFEDEAEYYCVLWYSNRNVFGGKTLITVL
681	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH CDR1	aa	NYDMA	
682	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSYKVG	
683	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH CDR3	aa	QDYITDYMGFAY	
684	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	
685	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL CDR2	aa	GASSLQD	
686	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL CDR3	aa	QQSRNYQQT	
687	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSIITRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSS
688	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL	aa		ATQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDQGVPSRFSGSGS

689	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	E11-G8	scFv	aa	GTHYTLTISSLQPEDEATYYCQSSNNYQQTFGGGTKVEIK EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPCKGLEWVSSISITRGDITISYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNISLAEDTAVYYCARQDYITDYMFAWGQGLTVTSVSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKFGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTISSLQPEDEATYYCQSSNNYQQTFGGGTKVEIK
690	BCMA-69 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- E11-G8 HL x CD3 HL		bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPCKGLEWVSSISITRGDITISYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNISLAEDTAVYYCARQDYITDYMFAWGQGLTVTSVSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKFGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTISSLQPEDEATYYCQSSNNYQQTFGGGTKVEIK LSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPCKGLEWVSSISITRGDITISYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNISLAEDTAVYYCARQDYITDYMFAWGQGLTVTSVSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKFGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTISSLQPEDEATYYCQSSNNYQQTFGGGTKVEIK
691	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VH CDR1	aa	NYDMA
692	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VH CDR2	aa	SISTRGDITISYRDSVKG
693	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VH CDR3	aa	QDYITDYMFGAY
694	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA
695	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VL CDR2	aa	GASSLQD
696	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VL CDR3	aa	QQSSNNYQQT
697	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPCKGLEWVSSISITRGDITISYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNISLAEDTAVYYCARQDYITDYMFAWGQGLTVTSV
698	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKFGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GTHYTLTISSLQPEDEATYYCQSSNNYQQTFGGGTKVEIK
699	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8		scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPCKGLEWVSSISITRGDITISYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNISLAEDTAVYYCARQDYITDYMFAWGQGLTVTSVSGGGSGGGSGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKFGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTISSLQPEDEATYYCQSSNNYQQTFGGGTKVEIK

[0629]

700	BCMA-70 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- A11-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQWNSLRAEDTAVYFCARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTYSSGGGGSGGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITICRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITISLQPEDEATYCOQSRNYQOTFGGKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLRTEDTAVYCVVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTFLVTYSSGGGGSGGGSGGSGTAVVTQEPFLTVSS PGGTVTLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGILGIGTKFLAPGTPARFSGSLIGKRAALTLSGV QPEDEAYYCVLMYSNRWVEGGTKLTVL
701	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH CDR1	aa	NYDMA
702	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH CDR2	aa	SISTRGDIITSYRDSVKG
703	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH CDR3	aa	QDYITDYMGFAI
704	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA
705	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL CDR2	aa	GASSLQD
706	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL CDR3	aa	AGPHKYFLT
707	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQWNSLRAEDTAVYFCARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTYSSGGGGSGGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITICRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITISLQPEDEATYFCAGPHKYPLTFGGGKVEIK
708	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGRVITICRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTEFTLTITISLQPEDEATYFCAGPHKYPLTFGGGKVEIK
709	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQWNSLRAEDTAVYFCARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTYSSGGGGSGGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITICRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITISLQPEDEATYFCAGPHKYPLTFGGGKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN
710	BCMA-71 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- A11-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQWNSLRAEDTAVYFCARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTYSSGGGGSGGGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITICRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITISLQPEDEATYFCAGPHKYPLTFGGGKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN

[0630]

711	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VH CDR1	aa	NYDMA NKRTEDTAVYVVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGSGGGGGGGGQTVVVTQBPSSLTVS PGGTVTLLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPSTPARFSGSLLGGKAALTLTSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVEGGGTKLTVL
712	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VH CDR2	aa	SISTRGDDITSYRDSVKG
713	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VH CDR3	aa	QDYVTDMGFAY
714	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA
715	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VL CDR2	aa	GASSLQD
716	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VL CDR3	aa	AGPHKYPLT
717	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGRSRLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVSSISTRGDDITSYRDSVKGR FTISRDNNSKNTLLQNNSLRAEDTAVYVYCARQDYVTDYMGFAWGGQGTLLTVSS
718	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGRDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTDTFTLTISMQPEDEATYVYCARQDYVTDYMGFAWGGQGTLLTVSS
719	BCMA-72	BC 3A4-37- C9-G1	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGRSRLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVSSISTRGDDITSYRDSVKGR FTISRDNNSKNTLLQNNSLRAEDTAVYVYCARQDYVTDYMGFAWGGQGTLLTVSSGGGSGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYVYCARQDYVTDYMGFAWGGQGTLLTVSS
720	BCMA-72 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C9-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGRSRLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVSSISTRGDDITSYRDSVKGR FTISRDNNSKNTLLQNNSLRAEDTAVYVYCARQDYVTDYMGFAWGGQGTLLTVSSGGGSGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYVYCARQDYVTDYMGFAWGGQGTLLTVSSGGGSGGGGGGGG LSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWVIRSKYNNVATYVYADSVKDRFTISRDNNSKNTAYLQNN NKRTEDTAVYVVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGSGGGGGGGGQTVVVTQBPSSLTVS PGGTVTLLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPSTPARFSGSLLGGKAALTLTSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVEGGGTKLTVL
721	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G1	VH CDR1	aa	NYDMA

722	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VH CDR2	aa	SISTRGDTITSYRDSVKG	
723	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VH CDR3	aa	QDIYTDYMGFAY	
724	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	
725	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL CDR2	aa	GASSLQD	
726	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL CDR3	aa	QQSRNYQQT	
727	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGRLSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWYSSISTRGDTITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNSLRRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGG	
728	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEDIYNGLAHYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGPSPRFSFGSGS GTDFTLTISIMQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKVEIK	
729	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGRLSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWYSSISTRGDTITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNSLRRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEDIYNGLAHYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGPSPRFSFGS GSGTDFLTISIMQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKVEIK	
730	BCMA-73 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C9-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGRLSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWYSSISTRGDTITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNSLRRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEDIYNGLAHYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGPSPRFSFGS GSGTDFLTISIMQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQLVPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARISRTNNYATYYADSVDRFTISRDNKNTAVLQMN NLKTEDTAVYCYRHNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGGQTAVTQEPSELTVS FGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYFNWVQQKPGQAPRGLIGGTRKFLAPGTPARFSGSLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYLVWYSNRWVFGGGTKLTVL	
731	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH CDR1	aa	NFDMA	
732	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH CDR2	aa	SITTGSGDITYYADSVKG	
733	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
734	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL CDR1	aa	RASQGLSNVILN	

735	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
736	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL CDR3	aa	MGQTISST	
737	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLTVSS	
738	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNINWYQKPKAPKPLIYYTTSNLQSGVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSLPEDFATYYCMGQTISSTFCQGTKEIK	
739	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNINWYQKPKAPKPLIYYTTSNLQSGVPSRFSGSGS GSGDTYTLTITSSLPEDFATYYCMGQTISSTFCQGTKEIKKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLVWVIRISRYNNATYVADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGCFNSYISYWAYWGQTLTVSSGGGGSGGGGSGTAVVTQEPSTLTVS PGGTWLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPKAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLGKALTLGTV QPEDEAEYYCVLMYSNRWFGGTKLTVL	
741	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH CDR1	aa	NFDMA	
742	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVK	
743	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
744	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN	
745	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
746	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL CDR3	aa	MGQTISST	
747	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR	

[0632]

[0634]

760	BCMA-76 HL x CD3 HL	BC C3-33- F9-B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	FTISRDNKNTLYLQMDSLRSEDATAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIK
761	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH CDR1	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLVWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRSEDATAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWVRQAPKGLWVARIRSKYNNVATYVADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNFNGSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGSGTQTVVTFEPLTVVS PGGTVTITCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGKFLAPGTPARFSGSILGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYLWYSNRWVFGGKTLIVL
762	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH CDR2	aa	NFDMA
763	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH CDR3	aa	SITTCGGDTYYADSVKG
764	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL CDR1	aa	HGYDGYHLEFDY
765	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL CDR2	aa	RAQQGISNYLN
766	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL CDR3	aa	YTSNLQS
767	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH	aa	MGQTISST
768	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSS DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFSGS GTDFTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIK
769	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFSGS GSGTDFTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIK
770	BCMA-77 HL x CD3 HL	BC C3-33- F10B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG

[0635]

						GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNVLNWFQQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRFSGS GSGDTFTLTISLQPEDFATYYCMGQTISSTYFGQGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYVRHGNFGNSYISYWAYWQGQTLTVTVSSGGGGGGGGGSLVQPGGSLK PGGTVTLTCGSGTGAFTSGNYPNWVQQKFGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTISGV QPEDAEAYCYLWYSNHWFGGGTKLTVL
771	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH CDR1	aa	NFDMA	
772	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH CDR2	aa	SITTGGGDTYYADSVKG	
773	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
774	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
775	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
776	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	
777	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSS	
778	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWFQQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRFSGS GTDFTLTISLQPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTKEIK	
779	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWFQQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRFSGS GSGDTFTLTISLQPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTKEIK	
780	BCMA-78 HL x CD3 HL	BC E5-33- A11-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWFQQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRFSGS GSGDTFTLTISLQPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYVRHGNFGNSYISYWAYWQGQTLTVTVSSGGGGGGGGGSLVQPGGSLK PGGTVTLTCGSGTGAFTSGNYPNWVQQKFGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTISGV	

						QPEDEAEYYCVLWYSNRWVEGGGKLTVL
781	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH CDR1	aa	NFDMA	
782	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKG	
783	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
784	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
785	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL CDR2	aa	YTSNLIQS	
786	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	
787	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSFNFDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGLTVTVSS	
788	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNHYQQKPGKAPKPLIYYTSNLIQSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISLQPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTKEIK	
789	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSFNFDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNHYQQKPGKAPKPLIYYTSNLIQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTKEIK	
790	BCMA-79 HL x CD3 HL	BC E5-33- B11-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSFNFDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNHYQQKPGKAPKPLIYYTSNLIQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYMNNVVRQAPGKGLVARIKSKNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYVCVRHGFNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTVVTPQEPSLTVS FGGTVLTGCSSTGAVTSGNYFNWVQKQEGAPRGLIGGKTKFLAPGTPARFSGSILGGKKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRWVEGGGKLTVL	
791	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH CDR1	aa	NFDMA	
792	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKG	

793	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
794	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
795	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
796	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	
797	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRAEDTAVYVCVRHGYDGYHLFDYWGQGTTLVTVSSGGGGSGGGSGGG	
798	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLNFOQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSFGSGS GTDFTLTITSSLOPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTRVEIK	
799	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRAEDTAVYVCVRHGYDGYHLFDYWGQGTTLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLNFWQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSFGS GSGTDFLTITSSLOPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTRVEIK	
800	BCMA-80 HL x CD3 HL	BC E5-33- G11-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR NLKTEDTAVYVCVRHGFNSYISYWAYWGQGTTLTVSSGGGGSGGGSGGGSGGGTIVVQEPSTLTVS PGGTVTLFGSSTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGGTFKLAPGTPARTFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGTRVIVL	
801	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH CDR1	aa	NFDMA	
802	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVK	
803	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
804	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
805	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL CDR2	aa	YTSNLQS	

806	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSS
807	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH	aa		DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQGISNHNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTITSSLPEDFATYYCQYFDRPYTGGGKVEIK
808	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQGISNHNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GSGTDFLTITSSLPEDFATYYCQYFDRPYTGGGKVEIK
809	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	scFv	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQGISNHNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GSGTDFLTITSSLPEDFATYYCQYFDRPYTGGGKVEIK
810	BCMA-81 HL x CD3 HL	BC E5-33- G12-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQGISNHNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS LSCASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAVLQMN NLKTEDTAVYVCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGSGGSGGTVVTTQEPSTLVS PGGTFTLTGGSSTGAVTSGNYPNWVQKPKAPGRLIGSTKFLAPGTPARTFSGSLIGGKALTLISGV QPEDEAEYTCVLWYSNRWVFGGKTLIVL
811	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH CDR1	aa	NFDMA	
812	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKG	
813	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH CDR3	aa	HGYVDGYHLFDY	
814	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
815	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
816	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL CDR3	aa	QQYSNLPYT	
817	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPGKLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSS
818	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL	aa		DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCRASQGISNHNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS

[0639]

		A11-B8	scFv	aa	GTDTTLTISSLQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK
819	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8		aa	EYQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQGISNHLNWFQOKPGRAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDTLTISLQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK
820	BCMA-82 HL x CD3 HL	BC E5-33- A11-B8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EYQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQGISNHLNWFQOKPGRAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDTLTISLQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK
821	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH CDR1	aa	NFDMA
822	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVK
823	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
824	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN
825	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL CDR2	aa	YTSNLQS
826	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL CDR3	aa	QQYSNLPYT
827	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH	aa	EYQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLVTVSS
828	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQGISNHLNWFQOKPGRAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQGISNHLNWFQOKPGRAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDTLTISLQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK
829	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	scFv	aa	EYQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQGISNHLNWFQOKPGRAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDTLTISLQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK

830	BCMA-83 HL x CD3 HL	BC E5-33- B11-B8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPGKGLVWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNHWYQQKPGKAPKRLIYYTSNLSQGVPSRPSGGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPYTFGGGTKEIKVIEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLVWVRSKNNVATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNGFNISYISVWAYWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGTAVTTPQPSITVS PGGTFTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGGLIGGTFKFLAPGTPARPSGSLILGGKRALTLGCV QPEDEAEYCYLVWISNRWVFGGGTKLTVL
831	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH CDR1	aa	NFDMA
832	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKGG
833	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
834	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN
835	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL CDR2	aa	YTSNLSQS
836	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL CDR3	aa	QQYSNLPYT
837	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPGKGLVWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNHWYQQKPGKAPKSLIYYTSNLSQGVPSRPSGGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPYTFGGGTKEIK
838	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNHWYQQKPGKAPKSLIYYTSNLSQGVPSRPSGGS GTDFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPYTFGGGTKEIK
839	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPGKGLVWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNHWYQQKPGKAPKSLIYYTSNLSQGVPSRPSGGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPYTFGGGTKEIK
840	BCMA-84 HL x CD3 HL	BC E5-33- G12-B8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPGKGLVWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNHWYQQKPGKAPKSLIYYTSNLSQGVPSRPSGGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPYTFGGGTKEIK

[0641]

841	BCMA-85	BC C6-97- G5	VH CDR1	aa	NFGMN	NLKTEDTAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGTLTVTSSGGGGSGGGGGGGGTVVYVQEPESLTIVS PGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWVQQRFGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSILGGKAALTLSGV QPDEAEYYCVLWYSNRNVFGGGTKLTIVL
842	BCMA-85	BC C6-97- G5	VH CDR2	aa	WINTVTGSIYADDFKG	
843	BCMA-85	BC C6-97- G5	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
844	BCMA-85	BC C6-97- G5	VL CDR1	aa	RASQDISNYLIN	
845	BCMA-85	BC C6-97- G5	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
846	BCMA-85	BC C6-97- G5	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
847	BCMA-85	BC C6-97- G5	VH	aa	FVFSLDTSVTYAYLQINSLKDEDTAVYVCARGGVYGGYDAMDYWGQGTLTIVSS	
848	BCMA-85	BC C6-97- G5	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASLGRVITITCRASQDISNYLNWYQQRPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDVTLTISSLEPEDIATYYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK	
849	BCMA-85	BC C6-97- G5	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGGQLEWNGMINTVTGESIYADDPKGR FVFSLDTSVTYAYLQINSLKDEDTAVYVCARGGVYGGYDAMDYWGQGTLTIVSSGGGGSGGGSGGG GSDIOMTQSPSSLSASLGRVITITCRASQDISNYLNWYQQRPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLEPEDIATYYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK	
850	BCMA-85 HL x CD3 HL	BC C6-97- G5 HL x CD3 HL	specific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGGQLEWNGMINTVTGESIYADDPKGR FVFSLDTSVTYAYLQINSLKDEDTAVYVCARGGVYGGYDAMDYWGQGTLTIVSSGGGGSGGGSGGG GSDIOMTQSPSSLSASLGRVITITCRASQDISNYLNWYQQRPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLEPEDIATYYCQCGNTLPWTFGQGTKEIK LSCASGTFENKYAMWVRQAPGGQLEWVARISRYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQNN NLKTEDTAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGTLTVTSSGGGGSGGGGGGGGTVVYVQEPESLTIVS PGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWVQQRFGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSILGGKAALTLSGV QPDEAEYYCVLWYSNRNVFGGGTKLTIVL	
851	BCMA-86	BC C6-98- C8	VH CDR1	aa	NFGMN	

852	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH CDR2	aa	WINTVTGESIYADDFKG
853	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
854	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
855	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL CDR2	aa	YTSRLHS
856	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
857	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH	aa	QVQLVQSGSEELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNWVRQAPQGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLKRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG
858	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL	aa	DIQMTQTSPSSLSASVGRVITTCRASQDISNYLNWYQQKPKGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLQPEDIAITYCQQGNTLPWTFGGTKVEIK
859	BCMA-86	BC C6-98-C8	scFv	aa	QVQLVQSGSEELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNWVRQAPQGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLKRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQTSPSSLSASVGRVITTCRASQDISNYLNWYQQKPKGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLQPEDIAITYCQQGNTLPWTFGGTKVEIK
860	BCMA-86 HL x CD3 HL	BC C6-98-C8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSEELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNWVRQAPQGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLKRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQTSPSSLSASVGRVITTCRASQDISNYLNWYQQKPKGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLQPEDIAITYCQQGNTLPWTFGGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNVATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVIYCVRHGNFGNSIISYWAYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGGSTVTVTQEPSLTVS PGGTWTLFGGSSTGAVTSGNYPNWVQKQAPRGLIGGTKFLAPGTAPRFGSLIGGKALTLTSGV QPEDEAEYCYVLMYSNRNVFGGTKLTVL
861	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH CDR1	aa	NFGMN
862	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH CDR2	aa	WINTVTGESIYADDFKG
863	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
864	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN

[0642]

[0643]

865	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
866	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
867	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLVTVSS	
868	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISLSEQEDIAITYFCQQGNTLPWTFGQGTKEIK	
869	BCMA-87	BC C6-97-A6	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISLSEQEDIAITYFCQQGNTLPWTFGQGTKEIK	
870	BCMA-87 HL x CD3 HL	BC C6-97-A6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISLSEQEDIAITYFCQQGNTLPWTFGQGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNVRQAPGKGLWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRQDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNEGNSYISWAYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGGGQTIVTQEPSSLTVS FGGTVTLTCGSGSTGAVTSGNYFNWVQKPKAPGLIGGTFKFLAPGTFARFSGSLLGKAAALTLSGV QPEDEAEYYCYLVWSNRNVFGGGTKLTVL	
871	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH CDR1	aa	NFGMN	
872	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH CDR2	aa	WINTYTGESIVADDFKG	
873	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
874	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN	
875	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
876	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VL CDR3	aa	QSFATLPWT	
877	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR	

[0644]

878	BCMA-88	BC C6-98- C8-E3	VL	aa	FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSS
879	BCMA-88	BC C6-98- C8-E3	scFv	aa	DIQMTQTPSSLSASVGRDVTITCRASQDISNLYNWQQKPKGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLQPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
880	BCMA-88 HL x CD3 HL	BC C6-98- C8-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGG GSDIQMTQTPSSLSASVGRDVTITCRASQDISNLYNWQQKPKGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS CSGTDYSLTISNLQPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIKSKGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKNNYATYYADSVDRFTISRDSDKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNGFSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTVVTPQEPSLTIVS FGGTVLTCCGSGTGAVTSGNYFNWYQQKFGQAPRGLIGGTRFLAPGTPARFSGSLGKRAALTLSGV QPEDEAEYYCYVLMYSNRWVFGGGTKLTVL
881	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH CDR1	aa	NFGMN
882	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH CDR2	aa	WINTYTGESIYADDFKG
883	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
884	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL CDR1	aa	RASQDISNLYN
885	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS
886	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL CDR3	aa	QSFATLPWT
887	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKISKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSS
888	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRDVTISCRASQDISNLYNWQQKPKGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLQPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
889	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKISKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR

[0645]

890	BCMA-89 HL x CD3 HL	BC C6-98- A1-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		FVFSSTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYVCARGVGGYDAMDYWGQGTTLVTSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPGRKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRPSGS GSGTDYTLTISNLQPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
891	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH CDR1	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKISKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYVCARGVGGYDAMDYWGQGTTLVTSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPGRKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRPSGS GSGTDYTLTISNLQPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGILVQPGGSLK LSCRASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKYNNVATYVADSVKDRFTISRDDSKNTAVLQMN NLKTEDTAVYCVVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTTLVTSSGGGGGGGGGGGQVTVVQEPSLTVS PGGTTLTCGSGTGAVTSGNYPNWQRPQAPRGLIGGTFKELAPGTPARFSGSILIGKRAALTLSGV QPEDEAEYYCVLMYSNRWVFGGGLTLVL
892	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH CDR2	aa		NFGMN
893	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH CDR3	aa		WINTYTGESIYADDFKG
894	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL CDR1	aa		GGVYGGYDAMDY
895	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL CDR2	aa		RASQDISNYLN
896	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL CDR3	aa		YTSRLHS
897	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH	aa		QSFATLPWT
898	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKDEDTAVYVCARGVGGYDAMDYWGQGTTLVTSS DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPDKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRPSGS GTDYTLTISLLEPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
899	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	scFv	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKDEDTAVYVCARGVGGYDAMDYWGQGTTLVTSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPDKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRPSGS GSGTDYTLTISLLEPEDIAITYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
900	BCMA-90 HL x CD3 HL	BC C6-97- G5-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKDEDTAVYVCARGVGGYDAMDYWGQGTTLVTSSGGGGGGGGGG

[0646]

						GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTTICRASQDISNYLNWYQQKPKAKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTIISLLEPEDIATYYCQSFATLPWTFGQGTKEVIRKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGSGTQVTVQPSLTVS PGGTVTLTQSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCVLWYSNRWVEGGTKLVL
901	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH CDR1	aa	NFGMN	
902	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH CDR2	aa	WINTYTGESIYADDFKG	
903	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
904	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL CDR1	aa	RAQDISNYLN	
905	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
906	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL CDR3	aa	QSFATLPWT	
907	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH	aa	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSKRSGYFTTFNFGMNWVRQAPGGQGLEWMGMINTYTGESIYADDFRGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVIVSS	
908	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTTICRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GTDYTLTIISLLEQEDIATYFCQSFATLPWTFGQGTKEIK	
909	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	scFv	aa	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSKRSGYFTTFNFGMNWVRQAPGGQGLEWMGMINTYTGESIYADDFRGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVIVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTICRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTIISLLEQEDIATYFCQSFATLPWTFGQGTKEIK	
910	BCMA-91 HL x CD3 HL	BC C6-97- A6-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSKRSGYFTTFNFGMNWVRQAPGGQGLEWMGMINTYTGESIYADDFRGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVIVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTICRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTIISLLEQEDIATYFCQSFATLPWTFGQGTKEIK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGSGTQVTVQPSLTVS PGGTVTLTQSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTLSGV	

						QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGTKLTVL
911	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH CDR1	aa		NFGMN
912	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH CDR2	aa		WINTYTGESIYADDFKG
913	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH CDR3	aa		GGVYGGYDAMDY
914	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL CDR1	aa		RASQDISNYIN
915	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL CDR2	aa		YTSRLHS
916	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL CDR3	aa		QHFTLIPWT
917	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVIYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG
918	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL	aa		DIQMTQSPSSLSASLGRVTITCRASQDISNYINWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSLEPEDIATYYCQHFRTLPWTFGQGTVEIK
919	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	scFv	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVIYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGRVTITCRASQDISNYINWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLEPEDIATYYCQHFRTLPWTFGQGTVEIK
920	BCMA-92 HL x CD3 HL	BC C6-97- G5-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVIYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGRVTITCRASQDISNYINWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS LSCASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVIYCYRHGNGFNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGGQTAVTQEPISITVS FGGTVTLTCGSSGTGAVTSGNYENWYQQKPKAPRGLIGGTFKFLAAGTFRFSGSLIGGKAALTILSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGTKLTVL
921	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH CDR1	aa		NFGMN
922	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH CDR2	aa		WINTYTGESIYADDFKG

[0648]

923	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
924	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
925	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL CDR2	aa	YTSRLHS
926	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL CDR3	aa	QHFTLPWT
927	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH	aa	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSKASGVTFTNEGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVPSDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLTVSS
928	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL	aa	DIQMTQTSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLOPEDIAITYCQHFTLPWTFGQGTKEIK
929	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	scFv	aa	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSKASGVTFTNEGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVPSDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQTSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLOPEDIAITYCQHFTLPWTFGQGTKEIK
930	BCMA-93 HL x CD3 HL	BC C6-98- C8-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKKPGASVKVSKASGVTFTNEGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVPSDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQTSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLOPEDIAITYCQHFTLPWTFGQGTKEIK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGQGLEWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTTLTVSSGGSGSGSGSGSGGQTIVVTQEPSTLTVS PGGTITLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGSTKFLAPGTPARTSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRNVEGGTKLIVL
931	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH CDR1	aa	NFGMN
932	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH CDR2	aa	WINTYTGESYADDFKG
933	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
934	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
935	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL CDR2	aa	YTSRLHS

936	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL CDR3	aa	QHFTLTLPWT	
937	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSS	
938	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSELEQEDATYFCQHFRTLPWTFGQGTKEIK	
939	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSELEQEDATYFCQHFRTLPWTFGQGTKEIK	
940	BCMA-94 HL x CD3 HL	BC C6-97- A6-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYSCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSELEQEDATYFCQHFRTLPWTFGQGTKEIKSGGGGGSEVQLIVSGGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLGWVARISKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNEFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGGQTIVTQEPSPITVS PGGTIVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTRFLAPGTAPRFSGLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLMYSNRWVFGGTKLTVL	
941	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH CDR1	aa	NFGMN	
942	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH CDR2	aa	WINTYTGESYADDFKG	
943	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
944	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN	
945	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
946	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL CDR3	aa	QHFTLTLPWT	
947	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKISCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSSTSVSVTAYLQINNLAEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSS	
948	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS	

[0650]

949	BCMA-95	A1-G9	scFv	aa	GTDTFTTISNLQPEDIAITYCQHFRTLPWTFGQGTKEIK QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGWINTYTGESIYADDFKGR FVSSDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYGQCTLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLHSGVPSRFSGS GSGTDYFTTISNLQPEDIAITYCQHFRTLPWTFGQGTKEIK
950	BCMA-95 HL x CD3 HL	BC C6 98- A1-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGWINTYTGESIYADDFKGR FVSSDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYGQCTLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLHSGVPSRFSGS GSGTDYFTTISNLQPEDIAITYCQHFRTLPWTFGQGTKEIK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGGGLEWNGWIRSNRYNATVYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVIYCVRHNGFNQNSYISYWAYWGQCTLVTVSSGGGGGGGGGGGSGTQVTFEPLTVTS PGTFTVTFGGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTKEFAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGV QPEDEAEYCYCLWYSNRWVFGSGTKLIVL
951	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH CDR1	aa	NFGMN
952	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH CDR2	aa	WINTYTGESIYADDFKG
953	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
954	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
955	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL CDR2	aa	YTSRLHS
956	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
957	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGWINTYTGESIYADDFKGR FVSSDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYGQCTLVTVSS
958	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL	aa	GTDTFTTISNLQPEDIAITYCQGTNTLPWTFGQGTKEIK DIQMTQSPSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLHSGVPSRFSGS
959	BCMA-96	BC C6 98- A1	scFv	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGWINTYTGESIYADDFKGR FVSSDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYGQCTLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLHSGVPSRFSGS GSGTDYFTTISNLQPEDIAITYCQGTNTLPWTFGQGTKEIK
960	BCMA-96 HL x	BC C6 98- A1	bispecific	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGWINTYTGESIYADDFKGR

	CD3 HL	A1 HL x CD3 HL	molecule	
				FVSSPTSVSTAYLQINNLKAEEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITSCRASQDISNLYNWYQQPGRAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFITISNLQPEDLATYYCQOGNTLPWTFQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNGFNYSIYWAYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGTQVTVTQEPSSLTVS PGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTARFSGSILGGKAAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYISNENWVFGGGLTLTVL
961	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH CDR1	aa
962	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH CDR2	aa
963	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH CDR3	aa
964	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL CDR1	aa
965	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL CDR2	aa
966	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL CDR3	aa
967	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH	aa
968	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL	aa
969	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	scFv	aa
970	BCMA-97 HL x CD3 HL	BC B12-33- G2-B2 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa

[0651]

[0652]

[illegible]

[0653]

983	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
984	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL CDR1	aa	RASQGISNNLN	
985	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL CDR2	aa	YTSNLS	
986	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL CDR3	aa	QQFTSLPYT	
987	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVSS	
988	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL	aa	DIQMTQSPSSMSASVGDRVTITCRASQGISNNLNWYQQKPKAPKSLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GTDYTLTISLQPEDFATYYCQQFTSLPYTFGGGTGLEIK	
989	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGSGGSGGG GSDIQMTQSPSSMSASVGDRVTITCRASQGISNNLNWYQQKPKAPKSLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYYCQQFTSLPYTFGGGTGLEIK	
990	BCMA-99 HL x CD3 HL	BC B12-33- A5-B2 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGSGGSGGG GSDIQMTQSPSSMSASVGDRVTITCRASQGISNNLNWYQQKPKAPKSLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYYCQQFTSLPYTFGGGTGLEIK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQNN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGSGGSGGGGSGTQVVTQEPSTLTVS PGGTVTLTCSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGKRAALTLSGV QPEDEAEYYCYLVLMYSNRRVFGGTGLTVL	
991	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH CDR1	aa	NFDMA	
992	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH CDR2	aa	SLTTGGGDTYYADSVK	
993	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
994	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VL CDR1	aa	RASQGISNNLN	
995	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VL CDR2	aa	YTSNLS	

996	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VL CDR3	aa	QQFAHLPYT	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDLSLRSEDTAVYYCVRHGYDGYHLEDFWGGQTLTVTS
997	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH	aa		DIQMTQSPFSSMSASVGDRTVITCRASQGISNNLNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSLPQEDFATYYCQQFAHLPYTTFGQGTGLEIK
998	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VL	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDLSLRSEDTAVYYCVRHGYDGYHLEDFWGGQTLTVTS
999	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	scFv	aa		GSIDQMTQSPFSMSASVGDRTVITCRASQGISNNLNWYQKPKAPKSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GSGDTYTLTITSSLPQEDFATYYCQQFAHLPYTTFGQGTGLEIK
1000	BCMA-100 HL x CD3 HL	BC B12-33- A5-C10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDLSLRSEDTAVYYCVRHGYDGYHLEDFWGGQTLTVTS
1001	human BCMA		human	na		SGSDYTLTITSSLPQEDFATYYCQQFAHLPYTTFGQGTGLEIK LSCAASGFTFNKYMAMWRQAPGKGLWVARIRSKYNITATYYADSVKDRFTISRDSKNATYALQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNGFNISYISWAYWGQTLTVTSVSGGGSGGGGGGGGTQVTVTQEPESLTVS PGGTVTLTGCSSTGAVTSGHYPNWNVQKPEQAPRGLIGGQTKFLAPGTFPAREFSGSLGGKAAALITLSGV QPEDEAEYYCVLMWYSNRWFEGGKTLTVL
1002	human BCMA		human	aa		algttgcaagatggctggcgagtgctcccaaatgaatatgttgacagtggtgtgcatactgtgcatactac cttgccaacttcgactgtcttcttaactctcttaactctcttaactctcttaactctcttaactctcttaactctct gaccaatctcagtgaaaggaaagaaatcgatctctgtgacgtgttggtgactgagcttaataaattctct ttggcagtttctgctgataatgtttgtcaaggagataaactctgaaccattaaagacacaggttta aaaaacacagatcagctctgctggatgtgatactgacctgaaaaagacagctggtgagta aattattcttcgagagagctcgagtagacaggttgaaagatacgaactgtaagactgcatcaagagc aaacccgaaggtcgactctgacctgacctctccactccactgataggaggaaggcgcaacctctcttg tcaccacgaaaacgaatgactattgtgcaagagctgcagctggtttgagtgcacggagatagagaaa atcaattctctgctagtagaa
1003	mouse BCMA		murine	na		MLQWAGQCSQNEYFDLSLLHACIPCOLRCSSNTPPLTCQRYCNASVTNSVKGNTAILWTCLGSLIITS LAVFVLMFLRLKINSEFLKDFNNTGSGLLGMANIDLEKSRGTGDEILPRGLETVVEECTBCDCIKNS KPKYVDSDRCFPLPAMEEGATILVTITKNDYCKSLPAALSAFATELEKTSISAR

[0655]

				aggagcgtacacggctctggtatctcttctgggctgaacctggtctctctcttggcacttttcaca atctcattcttctgaggaagatgaaccccgagccctgaaggacagcctcaagccaggctcagc ttgacggatcggctcagctgagacagcgacacccagctgactaggtggtggtgacgacag gatcttccccgaagctggagtatacagtggaagagtgacactgtaggagctgtgtcaagagcaaa ccaaaggggattctgaccttcttcccgctccagccatggaggggggcaaccattctgtca ccacaaaaagcgggtgactacggcaagtcaagtgcacactgcttgcaaaagtcatggggatgga gaagccactcacactagataa
1004	mouse BCMA	murine	aa	MAQQCFHSEYFDSLLHACKPCHLRCSNPATQCPYCDPSVTSSVKGTYTTLWIFLGLTLVLSLALFT ISFLLRKMNEALKDEPQSPQOLDGSAQLDKADTELIRAGDDRIIPRSLFYTVVECTCEDCVKSK PKGDSDFHFLPAMEEGATILVTTKTGYKGSVPITALQSVMGNEKPTHTR
1005	macaque BCMA	rhesus	na	atgttgcatgctcgtcggcagctctcccaaaatgaatatttgacagttgttgcatgattgcaaaac ctgtcaacttcagttcttagtactctctcaactgctcagctgatttgaatgcaagtatgac caattcagtgaaaggaatgaatgagattctctggacctgtttgggactgagcttgataattctttg gcagttttcgtctaacgtttttgttaaggaagatgagctctgaaccattaaaggatgagtttataaa acacaggatcaggtctctctgggcatggttaacattgacctggaagggcaggactggtgatgaaat tgttttccaaagggcctggagtacacggtggaagatgacctgtgaagactgcatcaagaataaa ccaaaggttgattctgacctgtttccactcccgacctggaggaaggcgaaccattctctgtca ccacgaaaaacgaatgactattgcaatagcctgtcagctgctttgagtttacggagatagagaaatc aattctcgtcaggttaa
1006	macaque BCMA	rhesus	aa	MLQMARQCSQNEYFDSLLHCKPCLRCSSNPFLTCQRYCNASVTNSVKGNNAILWTCGLSLIISL AVFVLTLFLLRKMSSEPLKDEFKNTGSGULGMANIDLEKGRGTGDSIVLPRGLFYTVVECTCEDCIKNK PKVDSDFHFLPAMEEGATILVTTKTNDYCNLSAALSVTIEKSIASR
1007	hu BCMA ECD = positions 1-54 of SEQ ID NO: 1002	human	aa	MLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIPQQLRCSNPFPPLTCQRYCNASVTNSVKGNTNA
1008	mu BCMA ECD = positions 1-49 of SEQ ID NO: 1004	murine	aa	MAQQCFHSEYFDSLLHACKPCHLRCSNPATQCPYCDPSVTSSVKGTYT
1009	hu BCMA ECD / E1 murine	chimeric hu / mu	aa	MAQQCSQNEYFDSLLHACIPQQLRCSNPFPPLTCQRYCNASVTNSVKGNTNA
1010	hu BCMA ECD / E2 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMAGQCFHSEYFDSLLHACIPQQLRCSNPFPPLTCQRYCNASVTNSVKGNTNA
1011	hu BCMA ECD / E3 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIPCHLRCSNPATQCPYCNASVTNSVKGNTNA
1012	hu BCMA ECD / E4 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIPQQLRCSNPFPPLTCQRYCDPSVTSSVKGTYT

1013	hu BCMA ECD / E5 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMGQCQSQNEYFDSLHACKPQQLRCSSNTFPLTCQRYCNASVTNSVKGTNA
1014	hu BCMA ECD / E6 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMGQCQSQNEYFDSLHACIPCHLRCSSTFPLTCQRYCNASVTNSVKGTNA
1015	hu BCMA ECD / E7 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMGQCQSQNEYFDSLHACIPQQLRCSSNTFPLTCQPYCNASVTNSVKGTNA
1016	hu BCMA epitope cluster 3	human	aa	QQLRCSSNTFPLTCQRYC
1017	mac BCMA epitope cluster 3	macaque	aa	QQLRCSSNTFPLTCQRYC
1018	hu BCMA epitope cluster 1	human	aa	MLQMGQ
1019	hu BCMA epitope cluster 4	human	aa	NASVTNSVKGTNA
1020	mac BCMA epitope cluster 1	macaque	aa	MLQMARQ
1021	mac BCMA epitope cluster 4	macaque	aa	NASMTNSVKGMNA
1022	BCMA-101 BC 5G9	VH CDR1	aa	GFTFSNYDMA
1023	BCMA-101 BC 5G9	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG
1024	BCMA-101 BC 5G9	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGfAY
1025	BCMA-101 BC 5G9	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
1026	BCMA-101 BC 5G9	VL CDR2	aa	GASNRHT
1027	BCMA-101 BC 5G9	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
1028	BCMA-101 BC 5G9	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGRSKLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPTCKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTVSRDNAKSTLYLQMDSLRSEDATYYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTVTVSS
1029	BCMA-101 BC 5G9	VL	aa	ETVMTQSPSTMTSISGERVTINCKASQSVGINVDYQQTPGQSPKLLIYGASNRHTGVDPRTGSGF GRDFTLTISNVEAEDLAVYCLQYGSIPFTFGSGTKLELK
1030	BCMA-101 BC 5G9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGRSKLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPTCKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTVSRDNAKSTLYLQMDSLRSEDATYYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GGSEVTMTQSPSTMTSISGERVTINCKASQSVGINVDYQQTPGQSPKLLIYGASNRHTGVDPRTG SGFGRDFTLTISNVEAEDLAVYCLQYGSIPFTFGSGTKLELK

1031	BCMA-102	BC 244-A7	VH CDR1	aa	GYFTNHH
1032	BCMA-102	BC 244-A7	VH CDR2	aa	YINPYNDDEYNEKFKG
1033	BCMA-102	BC 244-A7	VH CDR3	aa	DGYRDMVMDY
1034	BCMA-102	BC 244-A7	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
1035	BCMA-102	BC 244-A7	VL CDR2	aa	YTSRLHS
1036	BCMA-102	BC 244-A7	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
1037	BCMA-102	BC 244-A7	VH	aa	EVQLVEQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFTHNHHWVKQKPGQGLEWIGYINPYNDDEYNEKFKG KATLTSDKSSITAYMELSSITSEDSAVYICARDGYRDMVMDYWGQGTITVTVSS
1038	BCMA-102	BC 244-A7	VL	aa	ELVMTQTFSLSASLGDRVTISCRASQDISNYLNWYQQKPDGTVKLLIYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTQYSLTISNLEQEDVATYFCQQGNTLPWTFGGKLEIK
1039	BCMA-102	BC 244-A7	scFv	aa	EVQLVEQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFTHNHHWVKQKPGQGLEWIGYINPYNDDEYNEKFKG KATLTSDKSSITAYMELSSITSEDSAVYICARDGYRDMVMDYWGQGTITVTVSSGGGGGGGGGG GGSELVMTQTFSLSASLGDRVTISCRASQDISNYLNWYQQKPDGTVKLLIYTSRLHSGVPSRFSG SGSGTDYSLTISNLEQEDVATYFCQQGNTLPWTFGGKLEIK
1040	BCMA-103	BC 263-A4	VH CDR1	aa	GFTFSNYDMA
1041	BCMA-103	BC 263-A4	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVRG
1042	BCMA-103	BC 263-A4	VH CDR3	aa	QDYTYDYGFAV
1043	BCMA-103	BC 263-A4	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA
1044	BCMA-103	BC 263-A4	VL CDR2	aa	GASSLQD
1045	BCMA-103	BC 263-A4	VL CDR3	aa	QQSYKYPLT
1046	BCMA-103	BC 263-A4	VH	aa	EVQLVEESGGGLIQGRSLKLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPTKGLEWVASISTRGDITSYRDSVRG RFTISRDRNRKSTLYLQMDSLRSEDTATYICARDYTYDYGFAVWGQGTITVTVSS
1047	BCMA-103	BC 263-A4	VL	aa	ELVMTQSPASLSASLGDRVTIECRASEDIYNGLAWYQQKPGKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTQYSLKISGMQPEDEANYFCQQSYKYPLTFGSGTKLEIK

[0658]

1048	BCMA-103	BC 263-A4	scFv	aa	EVQLVEESGGGLVQPGSRSLKLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPTGLWVVASLSTRGDTITSYRDSVKG RFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAFWGQGLTAVTSSGGGGGGGGSGG GELVMTQSPASLSASIGETVTIEGRASEDIYNGLAWYQKPKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFSGSG SGTQYSLKISGMQPEDEANYFCQQSYKYPLTEGSGTKLELKG
1049	BCMA-104	BC 271-C3	VH CDR1	aa	GTFSNFDMA
1050	BCMA-104	BC 271-C3	VH CDR2	aa	SITGGGGDTYYRDSVKG
1051	BCMA-104	BC 271-C3	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
1052	BCMA-104	BC 271-C3	VL CDR1	aa	RASQGISNYL
1053	BCMA-104	BC 271-C3	VL CDR2	aa	YTSNLQS
1054	BCMA-104	BC 271-C3	VL CDR3	aa	QQYDISSYT
1055	BCMA-104	BC 271-C3	VH	aa	EVQLVEESGGGLVQPGSRSLKLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPTGLWVVASITTTGGGDTYYRDSVKG RFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAFWGQGLTAVTSSGGGGGGGGSGG
1056	BCMA-104	BC 271-C3	VL	aa	ELVMTQTPSSMPEASLGERVTISCRASQGISNYLNTYQQKPDGTIKPLIYYTNSNLQSGVPSRFSGSGS GTDYSLTINSLEPEDEFAVYQQQYDISSYTFGRGKLEIK
1057	BCMA-104	BC 271-C3	scFv	aa	EVQLVEESGGGLVQPGSRSLKLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPTGLWVVASITTTGGGDTYYRDSVKG RFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAFWGQGLTAVTSSGGGGGGGGSGG GGSELVMTQTPSSMPEASLGERVTISCRASQGISNYLNTYQQKPDGTIKPLIYYTNSNLQSGVPSRFSG SGSGTDYSLTINSLEPEDEFAVYQQQYDISSYTFGRGKLEIK
1058	BCMA-105	BC 265-E5	VH CDR1	aa	GTFSNFDMA
1059	BCMA-105	BC 265-E5	VH CDR2	aa	SITGGGGDTYYRDSVKG
1060	BCMA-105	BC 265-E5	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
1061	BCMA-105	BC 265-E5	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN
1062	BCMA-105	BC 265-E5	VL CDR2	aa	YTSNLQS
1063	BCMA-105	BC 265-E5	VL CDR3	aa	QQYDSFPLT

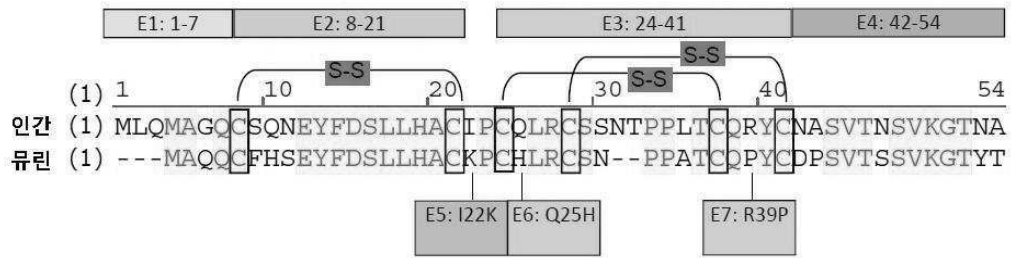
[0659]

1064	BCMA-105	BC 265-E5	VH	aa	EVQLVEESGGGLVQPGRSLLKLSCAASGFTFSNFDMAWVQAPTRGLEWVASITTTGGDTYYRDSVKG RFTISRDNAAKSTILYLQMDSLRSEDTATYYCVRHGYVDGYHLFDYWGGQGLTVVSS
1065	BCMA-105	BC 265-E5	VL	aa	ELWMTQTTPSMPASLGERVTTISCRASQGISNNLNWYQQKPDGTIKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GTDYSLTITISLEPEDFAMYYCQQYDSFFLTFGSGTKLEIK
1066	BCMA-105	BC 265-E5	scFv	aa	EVQLVEESGGGLVQPGRSLLKLSCAASGFTFSNFDMAWVQAPTRGLEWVASITTTGGDTYYRDSVKG RFTISRDNAAKSTILYLQMDSLRSEDTATYYCVRHGYVDGYHLFDYWGGQGLTVVSSGGGGGGGGSGG GGSELVMTQTTPSMPASLGERVTTISCRASQGISNNLNWYQQKPDGTIKPLIYYTNSLQSGVPSRFSFG SGSGTDYSLTITISLEPEDFAMYYCQQYDSFFLTFGSGTKLEIK
1067	BCMA-106	BC271-B12	VH CDR1	aa	GFTFSNFDMA
1068	BCMA-106	BC271-B12	VH CDR2	aa	SITTTGGDTYYRDSVKG
1069	BCMA-106	BC271-B12	VH CDR3	aa	HGYVDGYHLFDY
1070	BCMA-106	BC271-B12	VL CDR1	aa	RASQGISNNLN
1071	BCMA-106	BC271-B12	VL CDR2	aa	YTSNLQS
1072	BCMA-106	BC271-B12	VL CDR3	aa	QQFDTSPT
1073	BCMA-106	BC271-B12	VH	aa	EVQLVEESGGGLVQPGRSLLKLSCAASGFTFSNFDMAWVQAPTRGLEWVASITTTGGDTYYRDSVKG RFTISRDNAAKSTILYLQMDSLRSEDTATYYCVRHGYVDGYHLFDYWGGQGLTVVSS
1074	BCMA-106	BC271-B12	VL	aa	ELWMTQTTPSMPASLGERVTTISCRASQGISNNLNWYQQKPDGTIKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GTDYSLTITISLEPEDFAMYYCQQYDSFFLTFGAGTKLEIK
1075	BCMA-106	BC271-B12	scFv	aa	EVQLVEESGGGLVQPGRSLLKLSCAASGFTFSNFDMAWVQAPTRGLEWVASITTTGGDTYYRDSVKG RFTISRDNAAKSTILYLQMDSLRSEDTATYYCVRHGYVDGYHLFDYWGGQGLTVVSSGGGGGGGGSGG GGSELVMTQTTPSMPASLGERVTTISCRASQGISNNLNWYQQKPDGTIKPLIYYTNSLQSGVPSRFSFG SGSGTDYSLTITISLEPEDFAMYYCQQYDSFFLTFGAGTKLEIK
1076	BCMA-107	BC 247-A4	VH CDR1	aa	GYSEFDYYIN
1077	BCMA-107	BC 247-A4	VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNE
1078	BCMA-107	BC 247-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWYEDV

1079	BCMA-107	BC 247-A4	VL CDR1	aa	RSQSILVHSGNTYLH
1080	BCMA-107	BC 247-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS
1081	BCMA-107	BC 247-A4	VL CDR3	aa	SQSTHVPYT
1082	BCMA-107	BC 247-A4	VH	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGOGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS
1083	BCMA-107	BC 247-A4	VL	aa	ELVMTQTPLSLPVSLGDAQSIICRSQSILVHSGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVDFR SSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQSQTHVPYTFGGGTKLEIK
1084	BCMA-107	BC 247-A4	scFv	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGOGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS SELVMTQTPLSLPVSLGDAQSIICRSQSILVHSGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVDFR FSGSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQSQTHVPYTFGGGTKLEIK
1085	BCMA-108	BC 246-B6	VH CDR1	aa	CYSFPDYIN
1086	BCMA-108	BC 246-B6	VH CDR2	aa	WYFASGNSSEYNE
1087	BCMA-108	BC 246-B6	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
1088	BCMA-108	BC 246-B6	VL CDR1	aa	RSQSILVHSGNTYLH
1089	BCMA-108	BC 246-B6	VL CDR2	aa	KVSNRFS
1090	BCMA-108	BC 246-B6	VL CDR3	aa	FQGSHPVWT
1091	BCMA-108	BC 246-B6	VH	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGOGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS
1092	BCMA-108	BC 246-B6	VL	aa	ELVMTQTPLSLPVSLGDAQSIICRSQSILVHSGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVDFR SSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQSQTHVPYTFGGGTKLEIK
1093	BCMA-108	BC 246-B6	scFv	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGOGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS SELVMTQTPLSLPVSLGDAQSIICRSQSILVHSGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVDFR FSGSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQSQTHVPYTFGGGTKLEIK

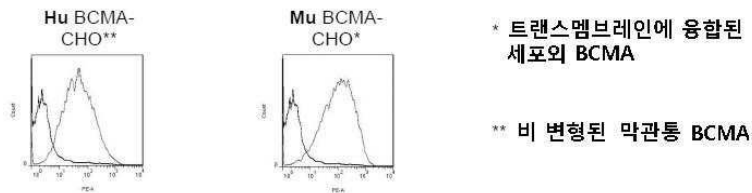
도면

도면1

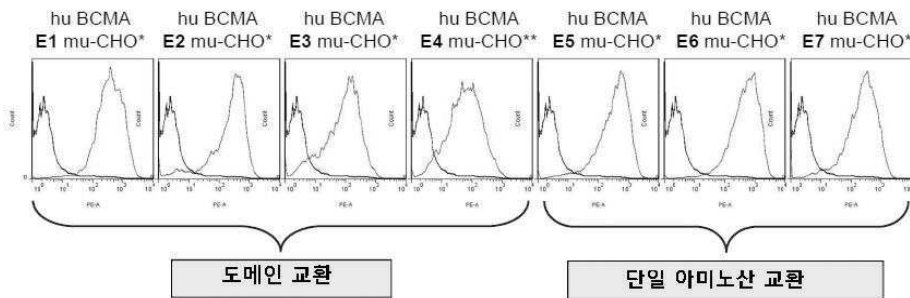


E1: N-말단 도메인
 E2: 첫번째 이황화 결합이 나타난 도메인
 E3: 두번째 (이중) 이황화 결합이 나타난 도메인
 E4: C-말단 세포외 도메인
 E5: E2/E3 사이의 점 돌연변이
 E6+E7: E3점 돌연변이

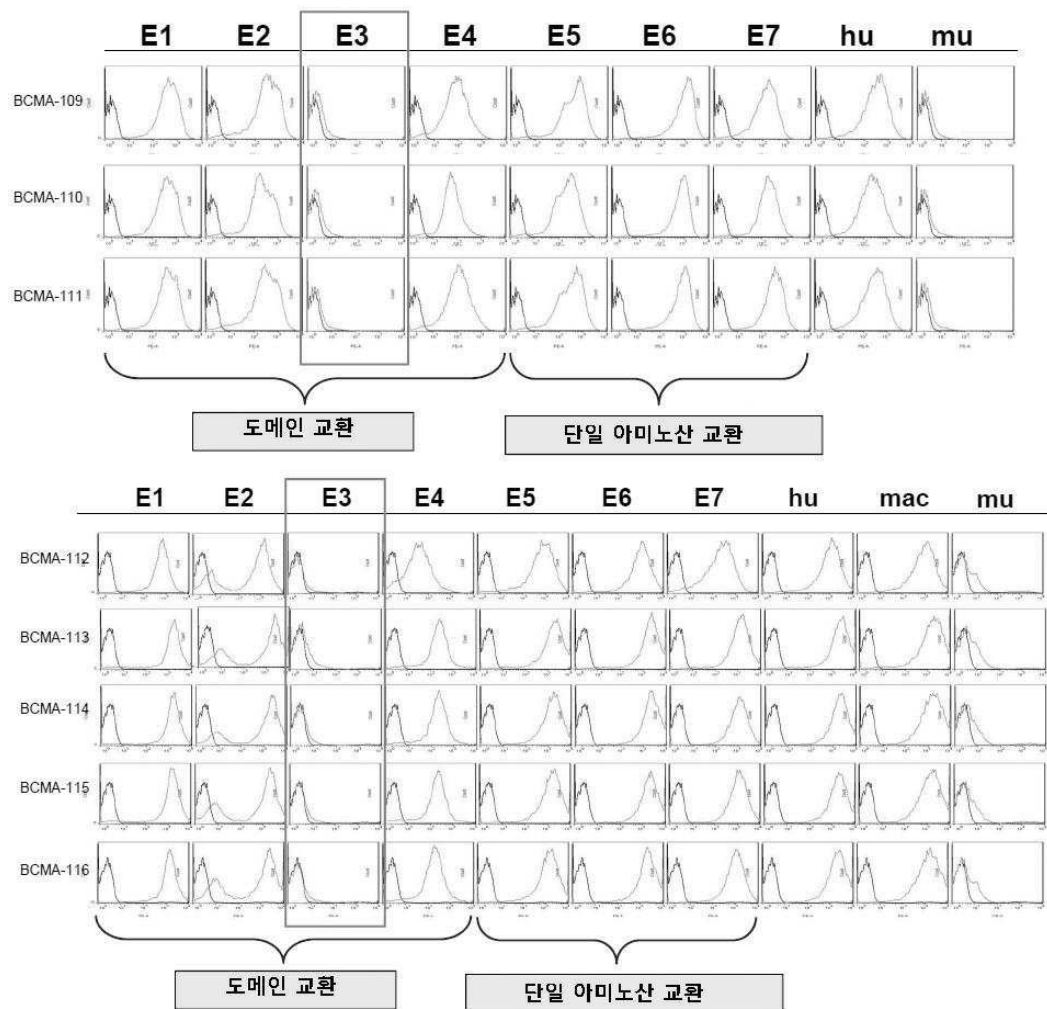
도면2a



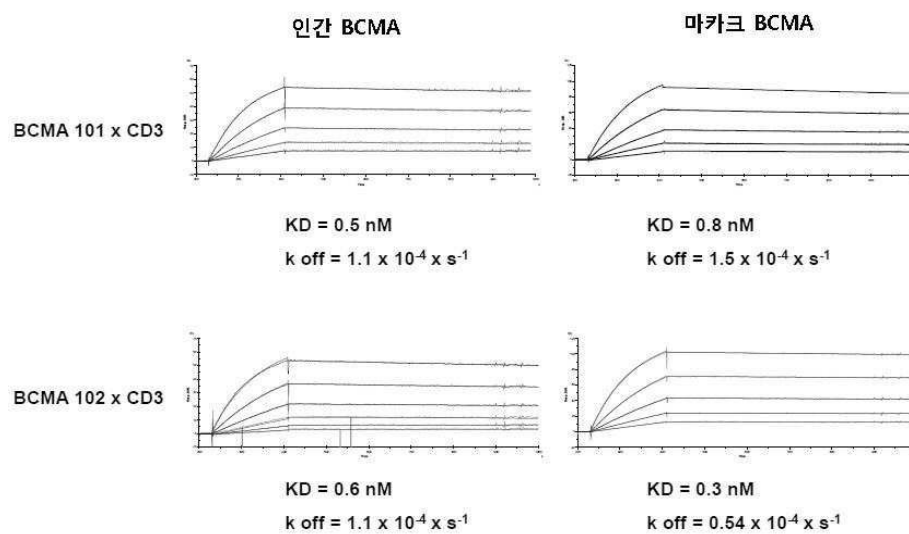
도면2b



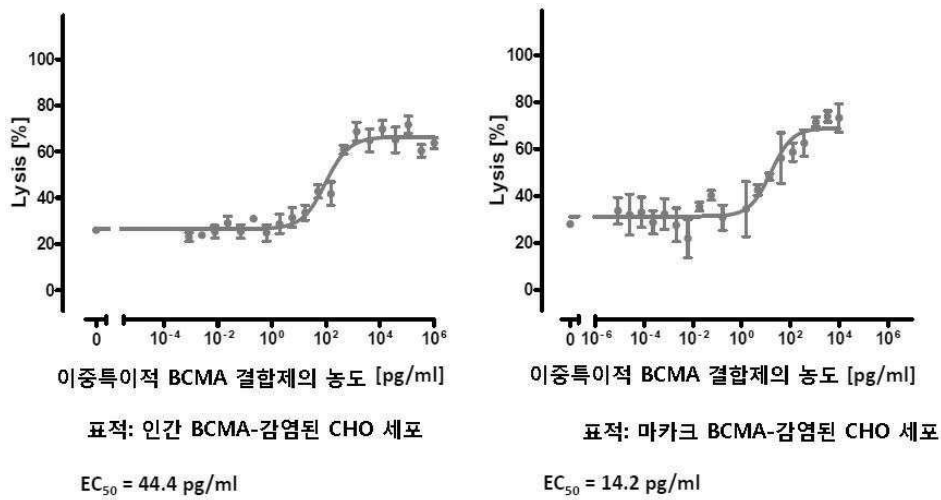
도면3



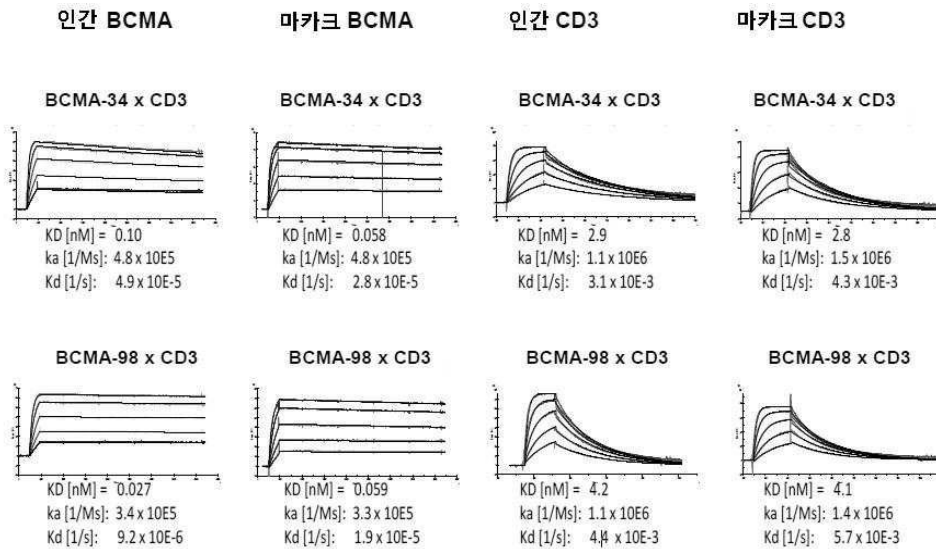
도면4



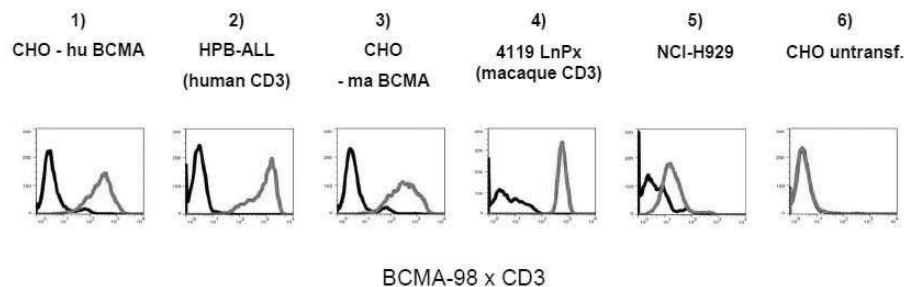
도면5



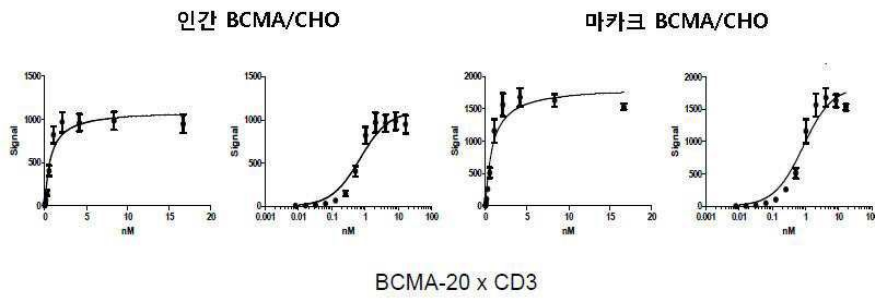
도면6



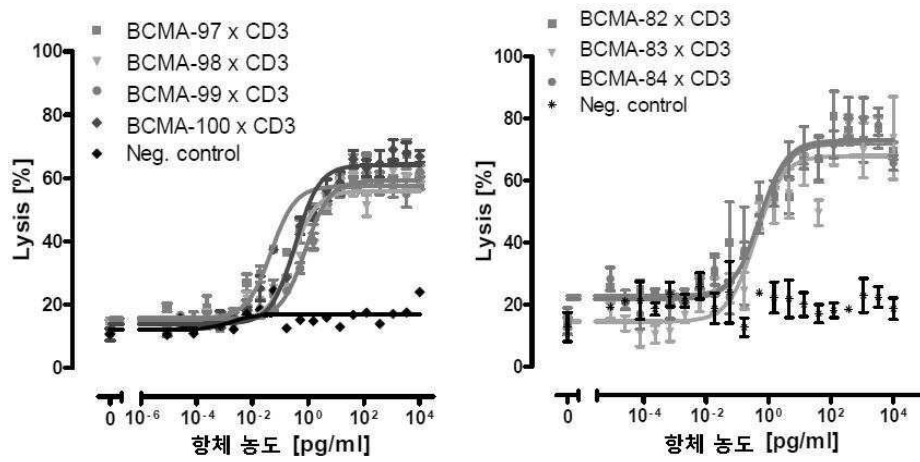
도면7



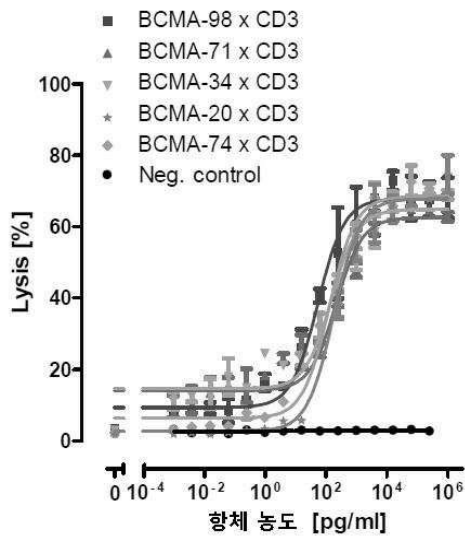
도면8



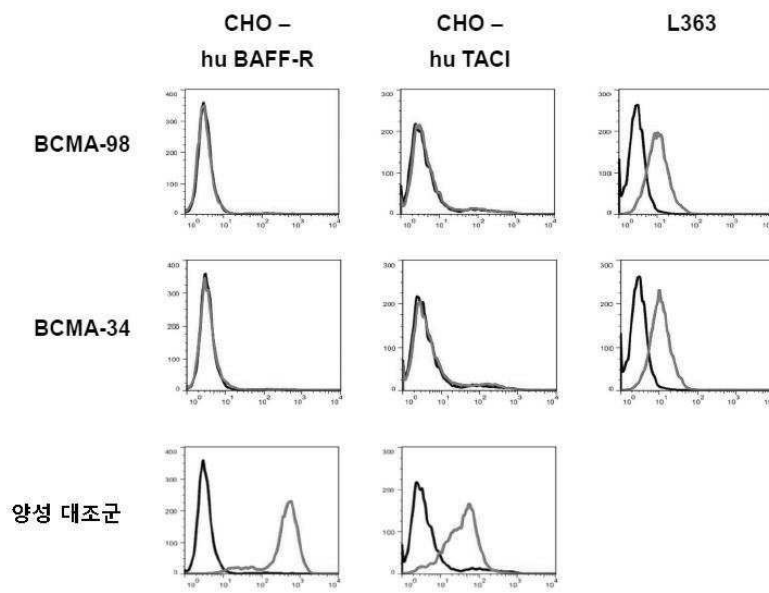
도면9



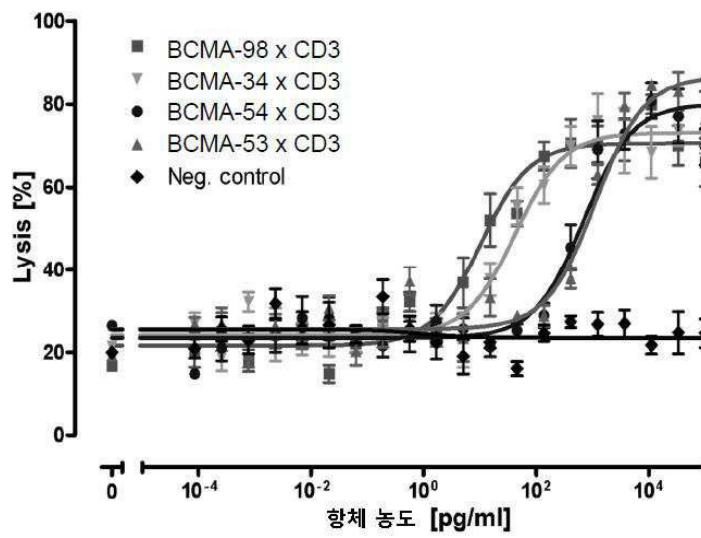
도면10



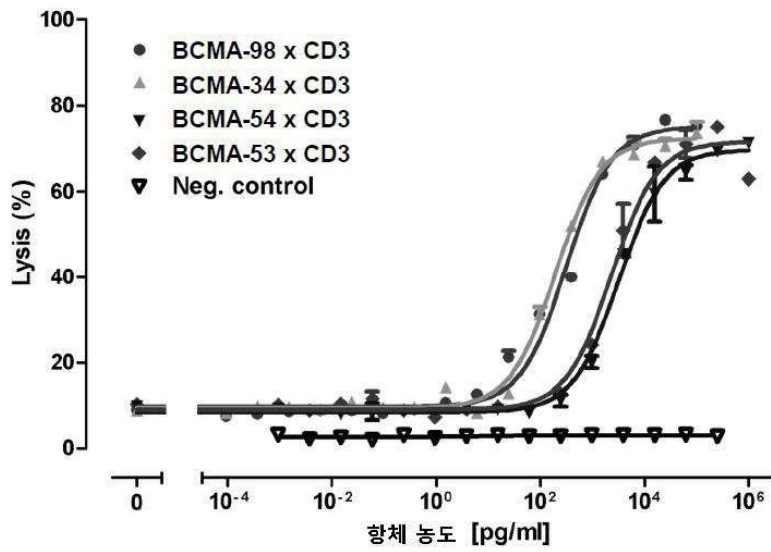
도면11



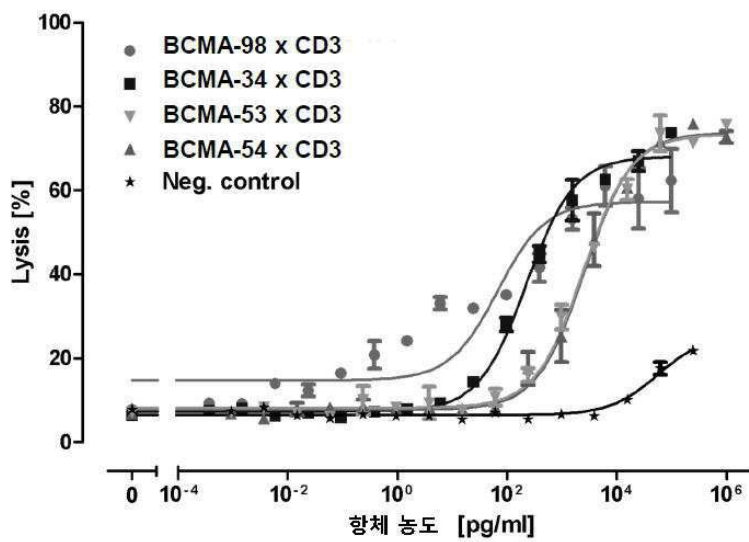
도면12



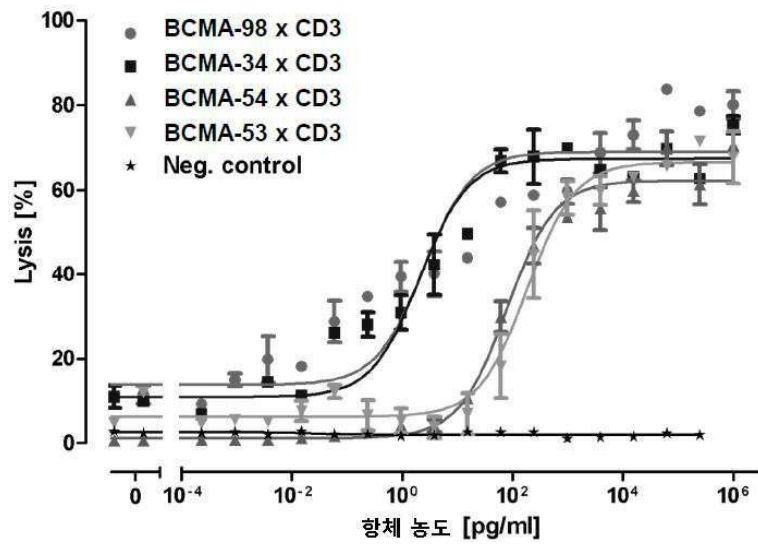
도면13



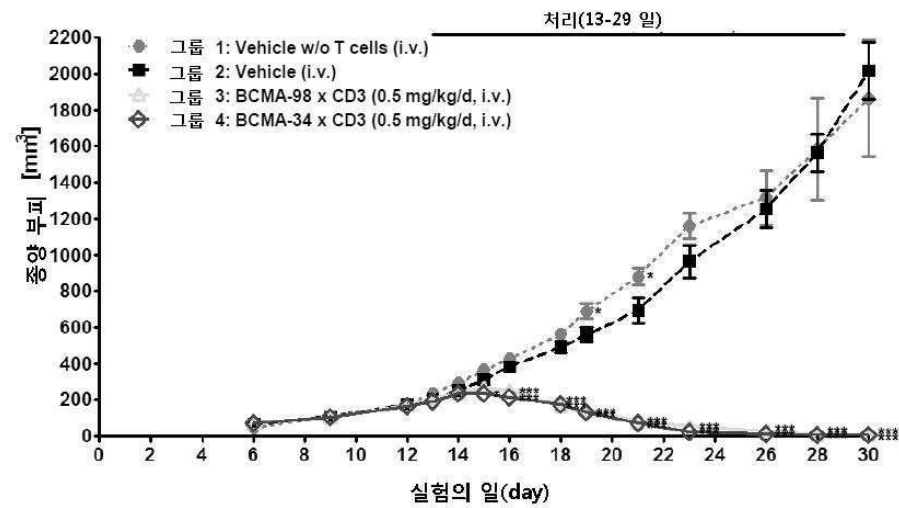
도면14



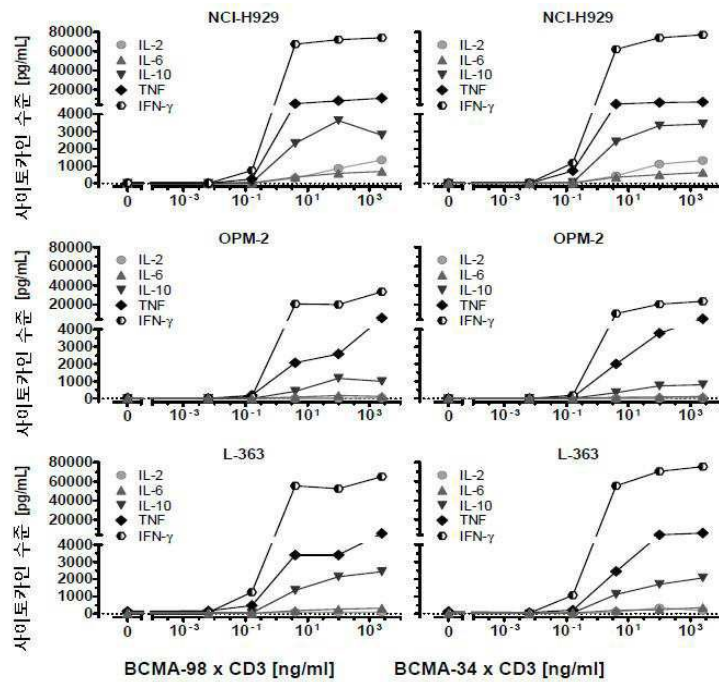
도면15



도면16



도면17



서열 목록

SEQUENCE LISTING

- <110> Amgen Research (Munich) GmbH
Boehringer Ingelheim International GmbH
- <120> Binding molecules for BCMA and CD3
- <130> MIM14333PCT
- <140> PCT/EP2012/072699
- <141> 2012-11-15
- <150> US 61/560,144
- <151> 2011-11-15
- <150> US 61/560,149
- <151> 2011-11-15
- <150> US 61/560,162
- <151> 2011-11-15
- <150> US 61/560,178
- <151> 2011-11-15
- <150> US 61/560,183
- <151> 2011-11-15
- <150> US 61/651,486
- <151> 2012-05-24

<150> US 61/651,474

<151> 2012-05-24

<160> 1093

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-1

<400> 1

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 2

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-1

<400> 2

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 3

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220>

><223> VH CDR3 of BCMA-1

<400> 3

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 4

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-1

<400> 4

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 5

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-1

<400> 5

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 6

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-1

<400> 6

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 7

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-1

<400> 7

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 8

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-1

<400> 8

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 9

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-1 scFv

<400> 9

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys

<210> 10

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-1 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 10

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165	170	175	
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr			
180	185	190	
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr			
195	200	205	
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys			
210	215	220	
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val			
225	230	235	240
Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
245	250	255	
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
260	265	270	
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln			
275	280	285	
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr			
290	295	300	
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr			
305	310	315	320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn			
325	330	335	
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn			
340	345	350	
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
355	360	365	
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser			
370	375	380	
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr			
385	390	395	400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly			
405	410	415	

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495

Val Leu

<210> 11

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-2

<400> 11

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 12

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-2

<400> 12

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 13

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-2

<400> 13

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 14

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-2

<400> 14

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 15

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-2

<400> 15

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 16

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-2

<400> 16

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 17

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-2

<400> 17

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 18

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-2

<400> 18

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn

20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
 85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105

<210> 19

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-2 scFv

<400> 19

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
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg 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
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

 180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 20

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-2 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 20

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

 35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 21

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-3

<400> 21

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 22

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-3

<400> 22

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 23

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-3

<400> 23

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 24

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-3

<400> 24

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 25

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-3

<400> 25

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 26

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-3

<400> 26

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 27

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-3

<400> 27

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 28

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-3

<400> 28

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 29

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-3 scFv

<400> 29

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 30

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-3 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 30

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 31

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-4

<400> 31

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 32

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-4

<400> 32

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 33

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-4

<400> 33

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 34

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-4

<400> 34

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 35

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-4

<400> 35

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 36

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-4

<400> 36

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 37

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-4

<400> 37

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 38

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-4

<400> 38

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 39

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-4 scFv

<400> 39

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
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys

<210> 40

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-4 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 40

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 41

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-5

<400> 41

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 42

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-5

<400> 42

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 43

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-5

<400> 43

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 44

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-5

<400> 44

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 45

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-5

<400> 45

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 46

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-5

<400> 46

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 47

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-5

<400> 47

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 48

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-5

<400> 48

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

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 49

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-5 scFv

<400> 49

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 50

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-5 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 50

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 51

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-6

<400> 51

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 52

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-6

<400> 52

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 53

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-6

<400> 53

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 54

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-6

<400> 54

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 55

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-6

<400> 55

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 56

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-6

<400> 56

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 57

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-6

<400> 57

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 58

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-6

<400> 58

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn

20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
 85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105

<210> 59

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-6 scFv

<400> 59

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
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

 180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 60

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-6 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 60

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

 35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 61

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-7

<400> 61

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 62

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-7

<400> 62

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 63

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-7

<400> 63

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 64

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-7

<400> 64

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 65

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-7

<400> 65

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 66

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-7

<400> 66

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 67

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-7

<400> 67

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 68

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-7

<400> 68

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Ala
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 69

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-7 scFv

<400> 69

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val 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
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 70

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-7 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 70

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 71

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-8

<400> 71

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 72

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-8

<400> 72

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 73

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-8

<400> 73

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 74

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-8

<400> 74

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 75

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-8

<400> 75

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 76

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-8

<400> 76

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 77

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-8

<400> 77

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 78

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-8

<400> 78

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Ala
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 79

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-8 scFv

<400> 79

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
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Val 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
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 80

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-8 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 80

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
Val Leu

<210> 81

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-9

<400> 81

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 82

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-9

<400> 82

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 83

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-9

<400> 83

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 84

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-9

<400> 84

Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 85

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-9

<400> 85

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 86

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-9

<400> 86

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 87

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-9

<400> 87

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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 88

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-9

<400> 88

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
 20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 89

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-9 scFv

<400> 89

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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220
Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly

225 230 235 240
Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245
<210> 90
<211> 503
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-9 HL x CD3 HL bispecific molecule
<400> 90

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 Asn Tyr
20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
130 135 140
Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg
145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val
 210 215 220

 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val
 245 250 255
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu
 260 265 270
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met
 275 280 285

 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg
 290 295 300
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 305 310 315 320
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 325 330 335
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 340 345 350

 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
 355 360 365
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys

405 410 415

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val

420 425 430

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys

435 440 445

Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly

450 455 460

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465 470 475 480

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

485 490 495

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 91

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-10

<400> 91

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 92

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-10

<400> 92

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 93

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-10

<400> 93

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 94

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-10

<400> 94

Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 95

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><

223> VL CDR2 of BCMA-10

<400> 95

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 96

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-10

<400> 96

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 97

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-10

<400> 97

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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 98

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-10

<400> 98

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95
 Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 99

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-10 scFv

<400> 99

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 Asn Tyr
 20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val
 210 215 220

 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

 <210> 100
 <211> 503
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-10 HL x CD3 HL bispecific molecule
 <400> 100
 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 Asn Tyr

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

 85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg

 145 150 155 160
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

 210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val
 245 250 255
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu
 260 265 270
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

 275 280 285
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg
 290 295 300
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 305 310 315 320
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 325 330 335
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

340 345 350
Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
355 360 365
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
385 390 395 400
Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys

405 410 415
Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val
420 425 430
Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys
435 440 445
Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
450 455 460
Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465 470 475 480
Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly
485 490 495
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 101

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-11

<400> 101

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 102

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-11

<400> 102

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 103

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-11

<400> 103

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 104

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-11

<400> 104

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 105

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-11

<400> 105

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 106

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-11

<400> 106

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 107

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-11

<400> 107

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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 108

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-11

<400> 108

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
85 90 95

Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 109
<211> 248
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-11 scFv
<400> 109

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 Asn Tyr
20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys

145 150 155 160
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

<210> 110

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-11 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 110

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 Asn Tyr
 20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35	40	45
Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe		
50	55	60
Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr		
65	70	75
		80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
85	90	95
Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro		
130	135	140
Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys		
145	150	155
Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp		
165	170	175
Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val		
180	185	190
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser		
195	200	205
Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val		
210	215	220
Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly		
225	230	235
Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val		
245	250	255
Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu		
260	265	270
Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met		
275	280	285

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg
 290 295 300
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 305 310 315 320
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 325 330 335

 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 340 345 350
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
 355 360 365
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
 385 390 395 400

 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
 405 410 415
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val
 420 425 430
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys
 435 440 445
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
 450 455 460

 Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala
 465 470 475 480
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly
 485 490 495
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 111

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-12

<400> 111

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 112

<211> 17

<212> PRT

<

213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-12

<400> 112

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 113

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-12

<400> 113

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 114

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-12

<400> 114

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 115

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-12

<400> 115

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 116

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-12

<400> 116

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 117

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-12

<400> 117

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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 118

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-12

<400> 118

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 119

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-12 scFv

<400> 119

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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60

 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125

 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190

 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val
 210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

 <210> 120
 <211> 503
 <212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-12 HL x CD3 HL bispecific molecule

<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 Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val
 245 250 255
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu
 260 265 270
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met
 275 280 285
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg
 290 295 300
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 305 310 315 320
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 325 330 335
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 340 345 350
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
 355 360 365
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
 405 410 415
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val
 420 425 430
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys
 435 440 445
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
 450 455 460
 Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465 470 475 480
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly
 485 490 495
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 121
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> VH CDR1 of BCMA-13
 <400> 121

Asn Tyr Trp Ile His
 1 5

<210> 122
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> VH CDR2 of BCMA-13
 <400> 122

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
 1 5 10 15
 Gly

<210> 123
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> VH CDR3 of BCMA-13
 <400> 123

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10
 <210> 124
 <211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-13

<400> 124

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 125

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-13

<400> 125

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 126

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220>

><223> VL CDR3 of BCMA-13

<400> 126

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 127

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-13

<400> 127

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys 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

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 128

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-13

<400> 128

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

35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95
 Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110
 <210> 129

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-13 scFv

<400> 129

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys 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

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

<210> 130

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-13 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 130

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys 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
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys
 145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val

245 250 255

Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu

260 265 270

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

275 280 285

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

290 295 300

Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

305 310 315 320

Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

325 330 335

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

340 345 350

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

355 360 365

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln

385 390 395 400

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys

405 410 415
Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val

420 425 430
Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys

435 440 445
Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly

450 455 460
Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465 470 475 480
Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

485 490 495
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 131

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-14

<400> 131

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 132

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-14

<400> 132

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 133

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-14

<400> 133

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 134

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-14

<400> 134

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 135

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<

<220><223> VL CDR2 of BCMA-14

<400> 135

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 136

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-14

<400> 136

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 137

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-14

<400> 137

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys 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

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 138

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-14

<400> 138

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95
 Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110
 <210> 139
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-14 scFv
 <400> 139
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys 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
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

 85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 140

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-14 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 140

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys 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

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85	90	95
Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro		
130	135	140
Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys		
145	150	155
Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp		
165	170	175
Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val		
180	185	190
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser		
195	200	205
Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val		
210	215	220
Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly		
225	230	235
Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val		
245	250	255
Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu		
260	265	270
Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met		
275	280	285
Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg		
290	295	300
Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val		
305	310	315
Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr		
325	330	335

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 340 345 350
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
 355 360 365
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
 385 390 395 400

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
 405 410 415
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val
 420 425 430
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys
 435 440 445
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
 450 455 460

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala
 465 470 475 480
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly
 485 490 495
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 141

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-15

<400> 141

Ser Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 142

<211> 17

<212> PRT

<

213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-15

<400> 142

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 143

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-15

<400> 143

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp

1 5 10

<210> 144

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-15

<400> 144

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 145

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-15

<400> 145

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 146

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-15

<400> 146

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 147

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-15

<400> 147

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 148

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-15

<400> 148

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 Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 149

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-15 scFv

<400> 149

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys
145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val
210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly
225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 150

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-15 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 150

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val
 210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val
 245 250 255
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu
 260 265 270
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

275 280 285
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg
 290 295 300
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

 305 310 315 320
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 325 330 335
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 340 345 350
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
 355 360 365
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser

 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
 405 410 415
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val
 420 425 430
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys

 435 440 445
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
 450 455 460
 Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala
 465 470 475 480
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly
 485 490 495
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 151

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-16

<400> 151

Ser Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 152

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-16

<400> 152

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 153

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-16

<400> 153

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp

1 5 10

<210> 154

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-16

<400> 154

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 155

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-16

<400> 155

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 156

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220>

><223> VL CDR3 of BCMA-16

<400> 156

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 157

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-16

<400> 157

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 158

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-16

<400> 158

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 Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 159

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-16 scFv

<400> 159

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
 35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp
 165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val
 180 185 190
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val
 210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly
 225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

<210> 160

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-16 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 160

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly

 225 230 235 240
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val
 245 250 255
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu
 260 265 270
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met
 275 280 285
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

 290 295 300
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 305 310 315 320
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
 325 330 335
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 340 345 350
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

 355 360 365
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
 385 390 395 400
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
 405 410 415
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val

 420 425 430
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys
 435 440 445
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
 450 455 460

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala
 465 470 475 480
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

 485 490 495
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 161

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-17

<400> 161

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 162

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-17

<400> 162

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 163

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-17

<400> 163

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 164

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-17

<400> 164

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 165

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-17

<400> 165

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 166

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-17

<400> 166

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 167

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-17

<400> 167

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 Asn Phe

20

25

30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
 35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 168

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-17

<400> 168

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 Asn Tyr

20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr

85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 169

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-17 scFv

<400> 169

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220

 Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
 225 230 235 240
 Glu Ile Lys

 <210> 170
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-17 HL x CD3 HL bispecific molecule
 <400> 170
 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 Asn Phe
 20 25 30

 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
 35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
 165 170 175
 Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
 180 185 190
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220

 Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
 225 230 235 240
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 245 250 255
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
 275 280 285

 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
 290 295 300
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
 325 330 335
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 171

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-18

<400> 171

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 172

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-18

<400> 172

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 173

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-18

<400> 173

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 174

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-18

<400> 174

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 175

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-18

<400> 175

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 176

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-18

<400> 176

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 177

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-18

<400> 177

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 178

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-18

<400> 178

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 Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105
 <210> 179
 <211> 243
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-18 scFv
 <400> 179
 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 Asn Phe
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
 35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 180

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-18 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 180

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275

280

285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290

295

300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305

310

315

320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325

330

335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 485 490 495

Val Leu

<210> 181

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-19

<400> 181

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 182

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-19

<400> 182

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 183

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-19

<400> 183

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 184

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-19

<400> 184

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 185

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-19

<400> 185

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 186

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-19

<400> 186

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 187

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-19

<400> 187

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 188

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-19

<400> 188

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 Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 189

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-19 scFv

<400> 189

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 190

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-19 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 190

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 Asn Phe

20	25	30	
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val			
35	40	45	
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val			
50	55	60	
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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	
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly			
100	105	110	
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
115	120	125	
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro			
130	135	140	
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg			
145	150	155	160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro			
165	170	175	
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser			
180	185	190	
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr			
195	200	205	
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys			
210	215	220	
Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
245	250	255	
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
260	265	270	

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 191

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-20

<400> 191

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 192

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-20

<400> 192

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 193

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-20

<400> 193

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 194

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-20

<400> 194

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 195

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-20

<400> 195

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 196

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-20

<400> 196

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 197

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-20

<400> 197

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 198

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-20

<400> 198

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 Asn Tyr

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

85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 199

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-20 scFv

<400> 199

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 200

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-20 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 200

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210	215	220	
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
	245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
	260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln			
	275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr			
	290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr			
305	310	315	320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn			
	325	330	335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn			
	340	345	350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
	355	360	365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser			
	370	375	380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr			
385	390	395	400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly			
	405	410	415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly			
	420	425	430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly			
	435	440	445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu			
	450	455	460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 201

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-21

<400> 201

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 202

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-21

<400> 202

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 203

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-21

<400> 203

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 204

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-21

<400> 204

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 205

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-21

<400> 205

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 206

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-21

<400> 206

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 207

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-21

<400> 207

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 Asn Phe

20

25

30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
 35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 208

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-21

<400> 208

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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr

85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 209

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-21 scFv

<400> 209

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225

230

235

240

Glu Ile Lys

<210> 210

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-21 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 210

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 Asn Phe

20

25

30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35

40

45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50

55

60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65

70

75

80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
 165 170 175
 Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
 180 185 190
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220

 Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
 225 230 235 240
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 245 250 255
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
 275 280 285

 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
 290 295 300
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
 325 330 335
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 211

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-22

<400> 211

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 212

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-22

<400> 212

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 213

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-22

<400> 213

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 214

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-22

<400> 214

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 215

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-22

<400> 215

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 216

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-22

<400> 216

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 217

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-22

<400> 217

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 218

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-22

<400> 218

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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105
 <210> 219
 <211> 243
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-22 scFv
 <400> 219
 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 Asn Phe
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
 35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 220

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-22 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 220

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val
35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275

280

285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290

295

300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305

310

315

320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325

330

335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 485 490 495

Val Leu

<210> 221

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-23

<400> 221

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 222

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-23

<400> 222

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 223

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-23

<400> 223

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 224

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-23

<400> 224

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 225

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-23

<400> 225

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 226

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-23

<400> 226

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 227

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-23

<400> 227

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 228

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-23

<400> 228

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 Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 229

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-23 scFv

<400> 229

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 230

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-23 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 230

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 Ser Asn Phe

20	25	30	
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val			
35	40	45	
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val			
50	55	60	
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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	
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly			
100	105	110	
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
115	120	125	
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro			
130	135	140	
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg			
145	150	155	160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro			
165	170	175	
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser			
180	185	190	
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr			
195	200	205	
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys			
210	215	220	
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
245	250	255	
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
260	265	270	

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 231

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-24

<400> 231

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 232

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-24

<400> 232

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 233

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-24

<400> 233

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 234

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-24

<400> 234

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 235

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-24

<400> 235

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 236

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-24

<400> 236

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 237

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-24

<400> 237

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 238

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-24

<400> 238

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 Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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

Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr

85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 239

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-24 scFv

<400> 239

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 240

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-24 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 240

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 241

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-25

<400> 241

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 242

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-25

<400> 242

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 243

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-25

<400> 243

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 244

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-25

<400> 244

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 245

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-25

<400> 245

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 246

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-25

<400> 246

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 247

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-25

<400> 247

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 248

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-25

<400> 248

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 Val His Ser

20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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
 Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr

85 90 95
 Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 249

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-25 scFv

<400> 249

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 250
<211> 501
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-25 HL x CD3 HL bispecific molecule
<400> 250

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
 165 170 175
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
 180 185 190
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 195 200 205
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
 210 215 220

 Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
 225 230 235 240
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
 245 250 255
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
 260 265 270
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
 275 280 285

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
 290 295 300
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
 305 310 315 320
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
 325 330 335
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 251

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-26

<400> 251

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 252

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-26

<400> 252

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 253

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-26

<400> 253

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 254

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-26

<400> 254

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 255

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-26

<400> 255

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 256

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-26

<400> 256

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 257

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-26

<400> 257

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 258

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-26

<400> 258

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 Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr
85 90 95
Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110
<210> 259
<211> 246
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-26 scFv
<400> 259
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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 260

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-26 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 260

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145

150

155

160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180

185

190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195

200

205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245

250

255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu

260

265

270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp

275

280

285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg

290

295

300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp

305

310

315

320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325

330

335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 261

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-27

<400> 261

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 262

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-27

<400> 262

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 263

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-27

<400> 263

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 264

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-27

<400> 264

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 265

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-27

<400> 265

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 266

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-27

<400> 266

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 267

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-27

<400> 267

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 268

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-27

<400> 268

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 Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr

85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 269

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-27 scFv

<400> 269

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 270

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-27 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 270

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20	25	30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met		
35	40	45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe		
50	55	60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr		
65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys		
85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 271

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-28

<400> 271

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 272

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-28

<400> 272

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 273

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-28

<400> 273

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 274

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-28

<400> 274

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 275

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-28

<400> 275

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 276

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-28

<400> 276

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 277

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-28

<400> 277

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 278

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-28

<400> 278

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr

85 90 95
Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 279

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-28 scFv

<400> 279

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 280

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-28 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 280

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 281

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-29

<400> 281

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 282

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-29

<400> 282

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 283

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-29

<400> 283

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 284

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-29

<400> 284

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 285

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-29

<400> 285

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 286

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-29

<400> 286

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 287

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-29

<400> 287

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 288

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-29

<400> 288

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr

85 90 95
 Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 289

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-29 scFv

<400> 289

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 290
<211> 501
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-29 HL x CD3 HL bispecific molecule
<400> 290

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
 165 170 175
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
 180 185 190
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 195 200 205
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
 210 215 220

 Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
 225 230 235 240
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
 245 250 255
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
 260 265 270
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
 275 280 285

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
 290 295 300
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
 305 310 315 320
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
 325 330 335
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 291

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-30

<400> 291

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 292

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-30

<400> 292

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 293

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-30

<400> 293

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 294

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-30

<400> 294

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 295

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-30

<400> 295

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 296

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-30

<400> 296

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 297

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-30

<400> 297

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 298

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-30

<400> 298

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr
85 90 95
Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110
<210> 299
<211> 246
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-30 scFv
<400> 299
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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 300

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-30 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 300

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 301

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-31

<400> 301

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 302

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-31

<400> 302

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 303

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-31

<400> 303

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 304

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-31

<400> 304

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 305

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-31

<400> 305

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 306

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-31

<400> 306

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 307

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-31

<400> 307

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 308

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-31

<400> 308

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr

85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 309

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-31 scFv

<400> 309

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145

150

155

160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180

185

190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala

195

200

205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 310

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-31 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 310

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20	25	30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met		
35	40	45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe		
50	55	60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr		
65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys		
85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 311

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-32

<400> 311

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 312

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-32

<400> 312

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 313

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-32

<400> 313

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 314

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-32

<400> 314

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 315

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-32

<400> 315

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 316

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-32

<400> 316

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 317

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-32

<400> 317

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 Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 318

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-32

<400> 318

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His 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 Gln
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 319

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-32 scFv

<400> 319

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 Asn His
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 320

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-32 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 320

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 Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210	215	220	
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
	245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
	260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln			
	275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr			
	290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr			
305	310	315	320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn			
	325	330	335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn			
	340	345	350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
	355	360	365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser			
	370	375	380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr			
385	390	395	400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly			
	405	410	415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly			
	420	425	430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly			
	435	440	445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu			
	450	455	460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 321

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-33

<400> 321

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 322

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-33

<400> 322

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 323

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-33

<400> 323

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 324

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-33

<400> 324

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 325

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-33

<400> 325

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 326

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-33

<400> 326

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 327

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-33

<400> 327

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 Asn His

20

25

30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 328

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-33

<400> 328

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His 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 Gln
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 329

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-33 scFv

<400> 329

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 Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
 225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 330
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-33 HL x CD3 HL bispecific molecule
 <400> 330

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 Asn His
 20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145	150	155	160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro			
	165	170	175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr			
	180	185	190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr			
	195	200	205
Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys			
210	215	220	
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
	245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
	260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln			
	275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr			
290	295	300	
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr			
305	310	315	320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn			
	325	330	335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn			
	340	345	350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
	355	360	365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser			
	370	375	380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr			
385	390	395	400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 331

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-34

<400> 331

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 332

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-34

<400> 332

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 333

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-34

<400> 333

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 334

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-34

<400> 334

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 335

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-34

<400> 335

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 336

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-34

<400> 336

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 337

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-34

<400> 337

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 Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 338

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-34

<400> 338

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 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His 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 Glu Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105
 <210> 339
 <211> 243
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-34 scFv
 <400> 339
 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 Asn His
 20 25 30
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 340

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-34 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 340

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 Asn His
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145

150

155

160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195

200

205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275

280

285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290

295

300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305

310

315

320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325

330

335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 485 490 495

Val Leu

<210> 341

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-35

<400> 341

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 342

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-35

<400> 342

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 343

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-35

<400> 343

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 344

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-35

<400> 344

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 345

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-35

<400> 345

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 346

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-35

<400> 346

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 347

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-35

<400> 347

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 Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 348

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-35

<400> 348

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 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His 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 Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 349

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-35 scFv

<400> 349

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 Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 350

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-35 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 350

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 Asn His

20	25	30
Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met		
35	40	45
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe		
50	55	60
Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr		
65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
85	90	95
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro		
130	135	140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln		
145	150	155
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro		
165	170	175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr		
180	185	190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr		
195	200	205
Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys		
210	215	220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val		
225	230	235
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser		
245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala		
260	265	270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 351

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-36

<400> 351

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 352

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-36

<400> 352

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 353

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-36

<400> 353

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 354

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-36

<400> 354

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 355

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-36

<400> 355

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 356

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-36

<400> 356

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 357

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-36

<400> 357

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 358

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-36

<400> 358

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 Ser Asn Tyr

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

85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 359

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-36 scFv

<400> 359

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 360

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-36 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 360

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210	215	220	
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
	245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
	260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln			
	275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr			
	290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr			
305	310	315	320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn			
	325	330	335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn			
	340	345	350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
	355	360	365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser			
	370	375	380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr			
385	390	395	400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly			
	405	410	415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly			
	420	425	430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly			
	435	440	445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu			
	450	455	460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 361

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-37

<400> 361

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 362

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-37

<400> 362

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 363

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-37

<400> 363

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 364

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-37

<400> 364

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 365

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-37

<400> 365

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 366

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-37

<400> 366

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 367

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-37

<400> 367

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20

25

30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 368

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-37

<400> 368

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 Ser Asn Tyr

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

85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 369

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-37 scFv

<400> 369

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 370
<211> 498
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-37 HL x CD3 HL bispecific molecule
<400> 370

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160
 Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
 165 170 175
 Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
 180 185 190
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser
 195 200 205
 Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220

 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
 225 230 235 240
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 245 250 255
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
 275 280 285

 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
 290 295 300
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
 325 330 335
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 371

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-38

<400> 371

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 372

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-38

<400> 372

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 373

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-38

<400> 373

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 374

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-38

<400> 374

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 375

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-38

<400> 375

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 376

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-38

<400> 376

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 377

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-38

<400> 377

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 378

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-38

<400> 378

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His 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 Gln
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105
 <210> 379
 <211> 243
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-38 scFv
 <400> 379
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His
 20 25 30
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 380

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-38 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 380

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145

150

155

160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195

200

205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275

280

285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290

295

300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305

310

315

320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325

330

335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 485 490 495

Val Leu

<210> 381

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-39

<400> 381

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 382

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-39

<400> 382

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 383

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-39

<400> 383

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 384

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-39

<400> 384

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 385

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-39

<400> 385

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 386

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-39

<400> 386

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 387

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-39

<400> 387

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 388

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-39

<400> 388

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His 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 Gln

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 389

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-39 scFv

<400> 389

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 390

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-39 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 390

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20	25	30
Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile		
35	40	45
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe		
50	55	60
Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr		
65	70	75
80		
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
85	90	95
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro		
130	135	140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln		
145	150	155
160		
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro		
165	170	175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr		
180	185	190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr		
195	200	205
Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys		
210	215	220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val		
225	230	235
240		
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser		
245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala		
260	265	270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
485 490 495

Val Leu

<210> 391

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-40

<400> 391

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 392

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-40

<400> 392

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 393

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-40

<400> 393

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 394

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-40

<400> 394

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 395

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-40

<400> 395

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 396

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-40

<400> 396

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 397

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-40

<400> 397

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 398

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-40

<400> 398

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 399

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-40 scFv

<400> 399

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 400

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-40 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 400

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 401

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-41

<400> 401

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 402

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-41

<400> 402

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 403

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-41

<400> 403

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 404

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-41

<400> 404

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 405

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-41

<400> 405

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 406

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-41

<400> 406

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 407

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-41

<400> 407

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 408

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-41

<400> 408

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95
 Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 409

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-41 scFv

<400> 409

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

<210> 410
 <211> 501
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-41 HL x CD3 HL bispecific molecule
 <400> 410

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
 20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
 100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
 130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
 165 170 175
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
 180 185 190
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 195 200 205
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
 210 215 220

 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
 225 230 235 240
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
 245 250 255
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
 260 265 270
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
 275 280 285

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
 290 295 300
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
 305 310 315 320
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
 325 330 335
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 411

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-42

<400> 411

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 412

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-42

<400> 412

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 413

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-42

<400> 413

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 414

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-42

<400> 414

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 415

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-42

<400> 415

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 416

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-42

<400> 416

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 417

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-42

<400> 417

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 418

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-42

<400> 418

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser
85 90 95
Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110
<210> 419
<211> 246
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-42 scFv
<400> 419
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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 420

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-42 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 420

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 421

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-43

<400> 421

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 422

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-43

<400> 422

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 423

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-43

<400> 423

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 424

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-43

<400> 424

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 425

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-43

<400> 425

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 426

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-43

<400> 426

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 427

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-43

<400> 427

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 428

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-43

<400> 428

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 Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 429

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-43 scFv

<400> 429

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145

150

155

160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180

185

190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195

200

205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 430

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-43 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 430

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20	25	30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met		
35	40	45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe		
50	55	60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr		
65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys		
85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 431

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-44

<400> 431

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 432

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-44

<400> 432

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 433

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-44

<400> 433

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 434

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-44

<400> 434

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 435

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-44

<400> 435

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 436

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-44

<400> 436

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 437

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-44

<400> 437

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 438

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-44

<400> 438

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 Val His Ser

20 25 30
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95
Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 439

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-44 scFv

<400> 439

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 440

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-44 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 440

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 441

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-45

<400> 441

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 442

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-45

<400> 442

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 443

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-45

<400> 443

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 444

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-45

<400> 444

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 445

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-45

<400> 445

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 446

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-45

<400> 446

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 447

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-45

<400> 447

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 448

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-45

<400> 448

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 Val His Ser

20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95
 Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 449

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-45 scFv

<400> 449

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 450
<211> 501
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-45 HL x CD3 HL bispecific molecule
<400> 450

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
 165 170 175
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
 180 185 190
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 195 200 205
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
 210 215 220

 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly
 225 230 235 240
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
 245 250 255
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
 260 265 270
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
 275 280 285

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
 290 295 300
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
 305 310 315 320
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
 325 330 335
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 451

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-46

<400> 451

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 452

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-46

<400> 452

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 453

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-46

<400> 453

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 454

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-46

<400> 454

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 455

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-46

<400> 455

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 456

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-46

<400> 456

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 457

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-46

<400> 457

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 458

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-46

<400> 458

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser
85 90 95
Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110
<210> 459
<211> 246
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-46 scFv
<400> 459
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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 460

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-46 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 460

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145

150

155

160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180

185

190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195

200

205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245

250

255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu

260

265

270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp

275

280

285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg

290

295

300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp

305

310

315

320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325

330

335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
 500

<210> 461

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-47

<400> 461

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 462

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-47

<400> 462

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 463

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-47

<400> 463

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 464

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-47

<400> 464

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 465

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-47

<400> 465

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 466

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-47

<400> 466

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 467

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-47

<400> 467

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 468

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-47

<400> 468

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 469

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-47 scFv

<400> 469

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145

150

155

160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180

185

190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195

200

205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 470

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-47 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 470

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20	25	30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met		
35	40	45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe		
50	55	60
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr		
65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys		
85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 471

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-48

<400> 471

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 472

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-48

<400> 472

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 473

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-48

<400> 473

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 474

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-48

<400> 474

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 475

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-48

<400> 475

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 476

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-48

<400> 476

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 477

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-48

<400> 477

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 478

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-48

<400> 478

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95
Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 479

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-48 scFv

<400> 479

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 480

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-48 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 480

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser 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 Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 481

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-49

<400> 481

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 482

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-49

<400> 482

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 483

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-49

<400> 483

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 484

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-49

<400> 484

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 485

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-49

<400> 485

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 486

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-49

<400> 486

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 487

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-49

<400> 487

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 488

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-49

<400> 488

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 Val His Ser

20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95
 Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 489

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-49 scFv

<400> 489

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 490
<211> 501
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-49 HL x CD3 HL bispecific molecule
<400> 490

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
 165 170 175
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
 180 185 190
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 195 200 205
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile
 210 215 220

 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
 225 230 235 240
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
 245 250 255
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
 260 265 270
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
 275 280 285

 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
 290 295 300
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
 305 310 315 320
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
 325 330 335
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
 340 345 350

 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
 355 360 365
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 370 375 380
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 491

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-50

<400> 491

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 492

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-50

<400> 492

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 493

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-50

<400> 493

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 494

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-50

<400> 494

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 495

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-50

<400> 495

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 496

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-50

<400> 496

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 497

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-50

<400> 497

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 498

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-50

<400> 498

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 Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser
85 90 95
Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110
<210> 499
<211> 246
<212> PRT
<213> artificial
<220><223> BCMA-50 scFv
<400> 499
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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 500

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-50 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 500

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 Ser Phe Pro Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 501

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-51

<400> 501

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 502

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-51

<400> 502

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 503

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-51

<400> 503

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 504

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-51

<400> 504

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 505

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-51

<400> 505

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 506

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-51

<400> 506

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 507

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-51

<400> 507

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 508

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-51

<400> 508

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 Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys 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 Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 509

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-51 scFv

<400> 509

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85

90

95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145

150

155

160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165

170

175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180

185

190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195

200

205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 510

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-51 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 510

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 Ser Phe Pro Asp Tyr

20	25	30	
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met			
35	40	45	
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe			
50	55	60	
Thr 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 Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys			
85	90	95	
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly			
100	105	110	
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly			
115	120	125	
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser			
130	135	140	
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser			
145	150	155	160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu			
165	170	175	
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn			
180	185	190	
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr			
195	200	205	
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile			
210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
245	250	255	
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
260	265	270	

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 511

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-52

<400> 511

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 512

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-52

<400> 512

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 513

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-52

<400> 513

Asp Gly Tyr His

1

<210> 514

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-52

<400> 514

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 515

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-52

<400> 515

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 516

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-52

<400> 516

Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 517

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-52

<400> 517

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu

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 Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110

Val Ser Ser
115

<210> 518

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-52

<400> 518

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 519

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-52 scFv

<400> 519

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

 35 40 45
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu
 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 Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

 100 105 110
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
 115 120 125
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
 130 135 140
 Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg
 145 150 155 160
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

 165 170 175
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe
 180 185 190
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu
 195 200 205
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr
 210 215 220
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

 225 230 235
 <210> 520
 <211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-52 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 520

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu

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 Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140

Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr

210 215 220

Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly

225 230 235 240

Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

245 250 255

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe

260 265 270

Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

275 280 285

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

290 295 300

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser

305 310 315 320

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr

325 330 335

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile

340 345 350

Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

355 360 365

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

370 375 380

Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr

385 390 395 400

Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn

405 410 415

Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

420 425 430

Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser

435 440 445

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln

450 455 460

Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 521

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-53

<400> 521

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 522

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-53

<400> 522

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 523

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-53

<400> 523

Asp Gly Tyr His

1

<210> 524

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-53

<400> 524

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 525

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-53

<400> 525

Asn Ala Asn Ser Leu His Ser

1 5

<210> 526

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-53

<400> 526

Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 527

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-53

<400> 527

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110
 Val Ser Ser

115

<210> 528

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-53

<400> 528

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 Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His 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 Met Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 529

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-53 scFv

<400> 529

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr

210 215 220

Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 530

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-53 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 530

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met
 195 200 205
 Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr
 210 215 220
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly
 225 230 235 240
 Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
 245 250 255

 Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
 260 265 270
 Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
 275 280 285
 Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
 290 295 300
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
 305 310 315 320

 Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
 325 330 335
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile
 340 345 350
 Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 355 360 365
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
 370 375 380

 Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr
 385 390 395 400
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn
 405 410 415
 Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu
 420 425 430
 Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser

435 440 445

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln

450 455 460

Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 531

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-54

<400> 531

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 532

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-54

<400> 532

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 533

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-54

<400> 533

Asp Gly Tyr His

1

<210> 534

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-54

<400> 534

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 535

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-54

<400> 535

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 536

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-54

<400> 536

Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 537

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-54

<400> 537

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 538

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-54

<400> 538

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 Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His Thr 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 Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 539

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-54 scFv

<400> 539

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu

[illegible]

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
 165 170 175
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe
 180 185 190
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu
 195 200 205
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr
 210 215 220
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly
 225 230 235 240
 Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
 245 250 255
 Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
 260 265 270
 Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
 275 280 285
 Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
 290 295 300
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
 305 310 315 320
 Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
 325 330 335
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile
 340 345 350
 Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 355 360 365
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
 370 375 380
 Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr
 385 390 395 400
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn

405 410 415
Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu
420 425 430
Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser
435 440 445
Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln
450 455 460
Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480
Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
485 490

<210> 541

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-55

<400> 541

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 542

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-55

<400> 542

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 543

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-55

<400> 543

Asp Gly Tyr His

1

<210> 544

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-55

<400> 544

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 545

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-55

<400> 545

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 546

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-55

<400> 546

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 547

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-55

<400> 547

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ser 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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Glu Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
 100 105 110
 Val Ser Ser
 115

<210> 548

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-55

<400> 548

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 Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His 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 Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr

85

90

95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100

105

<210> 549

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-55 scFv

<400> 549

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ser 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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

35

40

45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Glu Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85

90

95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100

105

110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115

120

125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130

135

140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145

150

155

160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe
 180 185 190
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu
 195 200 205
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr
 210 215 220
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235
 <210> 550
 <211> 492
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-55 HL x CD3 HL bispecific molecule
 <400> 550

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ser 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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Glu Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
 115 120 125
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140
 Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg
 145 150 155 160
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

 165 170 175
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe
 180 185 190
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu
 195 200 205
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr
 210 215 220
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly

 225 230 235 240
 Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
 245 250 255
 Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
 260 265 270
 Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
 275 280 285
 Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

 290 295 300
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
 305 310 315 320
 Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
 325 330 335
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile
 340 345 350
 Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

 355 360 365
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
 370 375 380

Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr
385 390 395 400

Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn
405 410 415

Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

420 425 430

Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser

435 440 445

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln

450 455 460

Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 551

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-56

<400> 551

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 552

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-56

<400> 552

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 553

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-56

<400> 553

Asp Gly Tyr His

1

<210> 554

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-56

<400> 554

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 555

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-56

<400> 555

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 556

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-56

<400> 556

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 557

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-56

<400> 557

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu

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 Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 558

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-56

<400> 558

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 559

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-56 scFv

<400> 559

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu
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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu
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 Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
130 135 140

Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg
 145 150 155 160
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
 165 170 175
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu
 195 200 205
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr
 210 215 220
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 560

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-56 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 560

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu
 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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu
 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 Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
 100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
130 135 140

Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg
145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe
180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu
195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr
210 215 220

Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly
225 230 235 240

Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
245 250 255

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
260 265 270

Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
275 280 285

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
290 295 300

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
305 310 315 320

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
325 330 335

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile
340 345 350

Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

355 360 365
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
 370 375 380

Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr
 385 390 395 400
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn
 405 410 415
 Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu
 420 425 430
 Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser
 435 440 445

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln
 450 455 460
 Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg
 465 470 475 480
 Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 485 490

<210> 561

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-57

<400> 561

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 562

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-57

<400> 562

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 563

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-57

<400> 563

Asp Gly Tyr His

1

<210> 564

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-57

<400> 564

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 565

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-57

<400> 565

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 566

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-57

<400> 566

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 567

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-57

<400> 567

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 568

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-57

<400> 568

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 Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His Thr 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 Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105
 <210> 569
 <211> 237
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-57 scFv
 <400> 569
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu
 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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
 100 105 110
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
 130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg
 145 150 155 160
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
 165 170 175
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe
 180 185 190
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu
 195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr
 210 215 220

Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 570

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-57 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 570

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu
 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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr

210 215 220

Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly

225 230 235 240

Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

245 250 255

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe

260 265 270

Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

275 280 285

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

290 295 300

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser

305 310 315 320

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr

325 330 335
Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile

340 345 350
Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

355 360 365
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

370 375 380
Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr

385 390 395 400
Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn

405 410 415
Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

420 425 430
Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser

435 440 445
Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln

450 455 460
Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480
Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490
<210> 571

<211> 5
<212> PRT

<213> artificial
<220><223> VH CDR1 of BCMA-58

<400> 571
Asn Ala Trp Met Asp

1 5
<210> 572

<211> 19
<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-58

<400> 572

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 573

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-58

<400> 573

Asp Gly Tyr His

1

<210> 574

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-58

<400> 574

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 575

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-58

<400> 575

Asn Ala Asn Ser Leu His Ser

1 5

<210> 576

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-58

<400> 576

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 577

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-58

<400> 577

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 578

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-58

<400> 578

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 Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg 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 Asn Ala Asn Ser Leu His 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 Met Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 579

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-58 scFv

<400> 579

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu
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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95
Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser

130 135 140
Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg

145 150 155 160
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met

195 200 205
Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr

210 215 220
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 580

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-58 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 580

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu
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 Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile

35

40

45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr 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 Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
130 135 140
Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg
145 150 155 160
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
165 170 175
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe
180 185 190
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met
195 200 205
Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr
210 215 220
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly
225 230 235 240
Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
245 250 255
Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
260 265 270
Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
275 280 285
Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

290 295 300
Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
305 310 315 320
Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr
325 330 335
Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile
340 345 350
Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

355 360 365
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
370 375 380
Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr
385 390 395 400
Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn
405 410 415
Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

420 425 430
Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser
435 440 445
Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln
450 455 460
Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg
465 470 475 480
Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 581

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-59

<400> 581

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5
 <210> 582
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> VH CDR2 of BCMA-59
 <400> 582

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 583
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-59

<400> 583

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 584
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-59

<400> 584

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 585
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-59

<400> 585

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 586

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-59

<400> 586

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 587

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-59

<400> 587

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 588

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-59

<400> 588

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn

20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105

<210> 589

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-59 scFv

<400> 589

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr
 180 185 190
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
 Asp Ile Lys

<210> 590

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-59 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 590

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
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

 35 40 45
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr
 180 185 190
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

 225 230 235 240
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
 275 280 285
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
 290 295 300
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
 325 330 335
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 420 425 430
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
 465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 485 490 495
 Val Leu

<210> 591

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-60

<400> 591

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 592

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-60

<400> 592

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 593

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-60

<400> 593

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 594

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-60

<400> 594

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 595

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-60

<400> 595

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 596

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-60

<400> 596

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 597

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-60

<400> 597

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 598

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-60

<400> 598

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 599

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-60 scFv

<400> 599

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
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

 35 40 45
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg 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
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr
 180 185 190
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

 225 230 235 240
 Asp Ile Lys

<210> 600

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-60 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 600

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr

195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

 225 230 235 240
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 245 250 255
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
 275 280 285
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

 290 295 300
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
 325 330 335
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

 355 360 365
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

 420 425 430
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495

Val Leu

<210> 601

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-61

<400> 601

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 602

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-61

<400> 602

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 603

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-61

<400> 603

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 604

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-61

<400> 604

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 605

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-61

<400> 605

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 606

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-61

<400> 606

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 607

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-61

<400> 607

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 608

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-61

<400> 608

Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn

20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100

105

<210> 609

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-61 scFv

<400> 609

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35

40

45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

180

185

190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Asp Ile Lys

<210> 610

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-61 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 610

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg 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 Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys
145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr
180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr
195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val
225 230 235 240
Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
245 250 255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
260 265 270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

 420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
Val Leu

<210> 611

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-62

<400> 611

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 612

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-62

<400> 612

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 613

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-62

<400> 613

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 614

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-62

<400> 614

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 615

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-62

<400> 615

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 616

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-62

<400> 616

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 617

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-62

<400> 617

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

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val 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

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 618

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-62

<400> 618

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn

20 25 30

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His 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 Ala
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 619

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-62 scFv

<400> 619

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
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Val 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
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys
145 150 155 160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr
180 185 190
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr
195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 620

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-62 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 620

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
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Val 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
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
 165 170 175
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr
 180 185 190
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val
 225 230 235 240
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
 245 250 255
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
 275 280 285
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
 290 295 300
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
 340 345 350
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 355 360 365
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 370 375 380
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
 405 410 415
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly
 420 425 430
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
 435 440 445
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
 450 455 460
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
 465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 485 490 495
 Val Leu

<210> 621

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-63

<400> 621

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 622

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-63

<400> 622

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 623

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-63

<400> 623

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 624

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-63

<400> 624

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 625

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-63

<400> 625

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 626

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-63

<400> 626

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 627

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-63

<400> 627

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 628

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-63

<400> 628

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 629

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-63 scFv

<400> 629

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg
 145 150 155 160
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
 165 170 175
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp
 180 185 190
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val
 225 230 235 240
 Glu Ile Lys

<210> 630

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-63 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 630

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
 20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 631

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-64

<400> 631

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 632

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-64

<400> 632

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 633

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-64

<400> 633

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 634

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-64

<400> 634

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 635

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-64

<400> 635

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 636

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-64

<400> 636

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 637

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-64

<400> 637

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 638

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-64

<400> 638

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 639

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-64 scFv

<400> 639

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 640

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-64 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 640

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 641

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-65

<400> 641

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 642

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-65

<400> 642

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 643

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-65

<400> 643

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 644

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-65

<400> 644

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 645

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-65

<400> 645

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 646

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-65

<400> 646

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 647

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-65

<400> 647

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 648

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-65

<400> 648

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 649

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-65 scFv

<400> 649

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 650

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-65 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 650

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 651

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-66

<400> 651

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 652

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-66

<400> 652

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 653

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-66

<400> 653

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 654

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-66

<400> 654

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 655

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-66

<400> 655

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 656

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-66

<400> 656

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 657

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-66

<400> 657

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 658

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-66

<400> 658

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 659

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-66 scFv

<400> 659

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 660

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-66 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 660

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 661

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-67

<400> 661

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 662

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-67

<400> 662

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 663

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-67

<400> 663

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 664

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-67

<400> 664

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 665

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-67

<400> 665

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 666

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-67

<400> 666

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 667

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-67

<400> 667

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 668

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-67

<400> 668

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 669

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-67 scFv

<400> 669

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 670

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-67 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 670

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 671

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-68

<400> 671

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 672

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-68

<400> 672

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 673

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-68

<400> 673

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 674

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-68

<400> 674

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 675

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-68

<400> 675

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 676

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-68

<400> 676

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 677

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-68

<400> 677

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 678

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-68

<400> 678

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 679

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-68 scFv

<400> 679

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 680

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-68 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 680

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 681

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-69

<400> 681

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 682

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-69

<400> 682

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 683

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-69

<400> 683

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 684

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-69

<400> 684

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 685

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-69

<400> 685

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 686

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-69

<400> 686

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 687

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-69

<400> 687

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 688

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-69

<400> 688

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 689

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-69 scFv

<400> 689

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 690

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-69 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 690

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 691

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-70

<400> 691

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 692

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-70

<400> 692

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 693

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-70

<400> 693

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 694

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-70

<400> 694

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 695

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-70

<400> 695

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 696

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-70

<400> 696

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 697

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-70

<400> 697

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 698

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-70

<400> 698

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp 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 Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 699

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-70 of scFv

<400> 699

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 700

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-70 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 700

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 701

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-71

<400> 701

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 702

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-71

<400> 702

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 703

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-71

<400> 703

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 704

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-71

<400> 704

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 705

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-71

<400> 705

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 706

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-71

<400> 706

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 707

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-71

<400> 707

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 708

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-71

<400> 708

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp 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 Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 709

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-71 scFv

<400> 709

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 710

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-71 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 710

Glu Val Gln Leu Leu 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 Asn Tyr
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 711

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-72

<400> 711

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 712

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-72

<400> 712

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 713

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-72

<400> 713

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 714

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-72

<400> 714

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 715

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-72

<400> 715

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 716

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-72

<400> 716

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 717

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-72

<400> 717

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 718

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-72

<400> 718

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 719

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-72 scFv

<400> 719

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 720

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-72 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 720

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
Val Leu

<210> 721

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-73

<400> 721

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 722

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-73

<400> 722

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 723

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-73

<400> 723

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 724

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-73

<400> 724

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 725

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-73

<400> 725

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 726

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-73

<400> 726

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 727

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-73

<400> 727

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 728

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-73

<400> 728

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 Glu Asp Ile Tyr 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 Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 729

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-73 scFv

<400> 729

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 730

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-73 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 730

Glu Val Gln Leu Leu 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 Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg 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 Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 731

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-74

<400> 731

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 732

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-74

<400> 732

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 733

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-74

<400> 733

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 734

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-74

<400> 734

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 735

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of VL CDR2

<400> 735

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 736

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-74

<400> 736

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 737

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-74

<400> 737

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 738

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-74

<400> 738

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 Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 739

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-74 scFv

<400> 739

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 Asn Phe
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 740

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-74 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 740

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 741

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-75

<400> 741

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 742

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-75

<400> 742

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 743

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-75

<400> 743

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 744

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-75

<400> 744

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 745

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-75

<400> 745

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 746

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-75

<400> 746

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 747

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-75

<400> 747

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 748

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-75

<400> 748

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 Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 749

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-75 scFv

<400> 749

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 750

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-75 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 750

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 751

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-76

<400> 751

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 752

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-76

<400> 752

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 753

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-76

<400> 753

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 754

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-76

<400> 754

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 755

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-76

<400> 755

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 756

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-76

<400> 756

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 757

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-76

<400> 757

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 758

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-76

<400> 758

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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile
35 40 45
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 759

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-76 scFv

<400> 759

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 Asn Phe

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 760

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-76 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 760

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 761

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-77

<400> 761

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 762

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of VH CDR2

<400> 762

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 763

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-77

<400> 763

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 764

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-77

<400> 764

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 765

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-77

<400> 765

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 766

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-77

<400> 766

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 767

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-77

<400> 767

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 768

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-77

<400> 768

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 Asn Tyr
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 769

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-77 scFv

<400> 769

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 770

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-77 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 770

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 771

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-78

<400> 771

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 772

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-78

<400> 772

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 773

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-78

<400> 773

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 774

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-78

<400> 774

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 775

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-78

<400> 775

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 776

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-78

<400> 776

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 777

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-78

<400> 777

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 778

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-78

<400> 778

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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His

20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 779

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-78 scFv

<400> 779

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 Asn Phe
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 780

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-78 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 780

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 781

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-79

<400> 781

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 782

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-79

<400> 782

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 783

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-79

<400> 783

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 784

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-79

<400> 784

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 785

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-79

<400> 785

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 786

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-79

<400> 786

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 787

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-79

<400> 787

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 788

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-79

<400> 788

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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 789

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-79 scFv

<400> 789

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 790

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-79 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 790

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 791

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-80

<400> 791

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 792

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-80

<400> 792

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 793

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-80

<400> 793

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 794

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-80

<400> 794

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 795

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-80

<400> 795

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 796

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-80

<400> 796

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 797

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-80

<400> 797

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 798

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-80

<400> 798

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 Asn His
20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile
35 40 45
Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 799

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-80 scFv

<400> 799

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 Asn Phe

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 800

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-80 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 800

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 801

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-81

<400> 801

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 802

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-81

<400> 802

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 803

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-81

<400> 803

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 804

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-81

<400> 804

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 805

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-81

<400> 805

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 806

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-81

<400> 806

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 807

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-81

<400> 807

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 808

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-81

<400> 808

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 Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 809

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-81 scFv

<400> 809

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 810

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-81 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 810

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 811

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-82

<400> 811

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 812

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-82

<400> 812

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 813

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-82

<400> 813

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 814

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-82

<400> 814

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 815

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-82

<400> 815

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 816

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-82

<400> 816

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 817

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-82

<400> 817

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 818

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-82

<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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His

20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 819

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-82 scFv

<400> 819

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 Asn Phe
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 820

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-82 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 820

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 821

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-83

<400> 821

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 822

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-83

<400> 822

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 823

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-83

<400> 823

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 824

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-83

<400> 824

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 825

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-83

<400> 825

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 826

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-83

<400> 826

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 827

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-83

<400> 827

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 828

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-83

<400> 828

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 Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 829

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-83 scFv

<400> 829

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 830

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-83 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 830

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 831

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-84

<400> 831

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 832

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-84

<400> 832

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 833

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-84

<400> 833

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 834

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-84

<400> 834

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 835

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-84

<400> 835

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 836

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-84

<400> 836

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 837

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-84

<400> 837

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 838

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-84

<400> 838

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 Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45
Tyr Tyr Thr Ser Asn 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 Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 839

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-84 scFv

<400> 839

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 Ser Asn Phe

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 840

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-84 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 840

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 Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 841

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-85

<400> 841

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 842

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-85

<400> 842

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 843

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-85

<400> 843

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 844

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-85

<400> 844

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 845

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-85

<400> 845

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 846

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-85

<400> 846

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 847

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-85

<400> 847

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 848

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-85

<400> 848

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 849

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-85 scFv

<400> 849

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 850

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-85 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 850

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

35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 851

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-86

<400> 851

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 852

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-86

<400> 852

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 853

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-86

<400> 853

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 854

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-86

<400> 854

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 855

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-86

<400> 855

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 856

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-86

<400> 856

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 857

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-86

<400> 857

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 858

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-86

<400> 858

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr 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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 859

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-86 scFv

<400> 859

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

35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 860

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-86 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 860

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 861

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-87

<400> 861

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 862

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-87

<400> 862

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 863

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-87

<400> 863

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 864

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-87

<400> 864

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 865

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-87

<400> 865

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 866

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-87

<400> 866

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 867

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-87

<400> 867

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 868

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-87

<400> 868

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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 869

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-87 scFv

<400> 869

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 870

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-87 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 870

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 871

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-88

<400> 871

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 872

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-88

<400> 872

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 873

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-88

<400> 873

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 874

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-88

<400> 874

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 875

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-88

<400> 875

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 876

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-88

<400> 876

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 877

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-88

<400> 877

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 878

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-88

<400> 878

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr 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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 879

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-88 scFv

<400> 879

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

20 25 30
Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80
Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 880

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-88 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 880

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
Val Leu

<210> 881

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-89

<400> 881

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 882

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-89

<400> 882

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 883

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-89

<400> 883

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 884

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-89

<400> 884

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 885

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-89

<400> 885

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 886

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-89

<400> 886

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 887

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-89

<400> 887

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 888

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-89

<400> 888

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 Ser Cys Arg 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 889

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-89 scFv

<400> 889

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
 Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

 225 230 235 240
 Glu Ile Lys

 <210> 890
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220><223> BCMA-89 HL x CD3 HL bispecific molecule
 <400> 890
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe
 20 25 30
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

 35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg
 145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 891

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-90

<400> 891

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 892

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-90

<400> 892

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 893

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-90

<400> 893

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 894

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-90

<400> 894

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 895

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-90

<400> 895

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 896

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-90

<400> 896

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 897

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-90

<400> 897

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 898

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-90

<400> 898

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 899

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-90 scFv

<400> 899

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

35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 900

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-90 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 900

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 901

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-91

<400> 901

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 902

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-91

<400> 902

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 903

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-91

<400> 903

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 904

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-91

<400> 904

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 905

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-91

<400> 905

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 906

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-91

<400> 906

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 907

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-91

<400> 907

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 908

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-91

<400> 908

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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 909

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-91 scFv

<400> 909

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 910

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-91 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 910

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50

55

60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65

70

75

80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210

215

220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 911

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-92

<400> 911

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 912

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-92

<400> 912

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 913

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-92

<400> 913

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 914

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-92

<400> 914

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 915

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-92

<400> 915

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 916

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-92

<400> 916

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 917

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-92

<400> 917

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 918

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-92

<400> 918

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu 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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 919

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-92 scFv

<400> 919

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

20 25 30
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

 35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
 145 150 155 160
 Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
 Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser
 180 185 190
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
 195 200 205
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys
 210 215 220
 Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

 225 230 235 240
 Glu Ile Lys

<210> 920

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-92 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 920

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 921

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-93

<400> 921

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 922

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-93

<400> 922

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 923

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-93

<400> 923

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 924

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-93

<400> 924

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 925

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-93

<400> 925

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 926

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-93

<400> 926

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 927

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-93

<400> 927

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 928

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-93

<400> 928

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr 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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 929

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-93 scFv

<400> 929

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 930

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-93 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 930

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

35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro
130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 931

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-94

<400> 931

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 932

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-94

<400> 932

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 933

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-94

<400> 933

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 934

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-94

<400> 934

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 935

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-94

<400> 935

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 936

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-94

<400> 936

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 937

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-94

<400> 937

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 938

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-94

<400> 938

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 Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 939

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-94 scFv

<400> 939

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

35 40 45
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

 210 215 220
Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 940

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-94 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 940

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 941

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-95

<400> 941

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 942

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-95

<400> 942

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 943

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-95

<400> 943

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 944

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-95

<400> 944

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 945

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-95

<400> 945

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 946

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-95

<400> 946

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 947

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-95

<400> 947

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 948

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-95

<400> 948

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 Ser Cys Arg 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 949

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-95 scFv

<400> 949

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220
Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 950

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-95 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 950

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 951

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-96

<400> 951

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 952

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-96

<400> 952

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 953

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-96

<400> 953

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 954

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-96

<400> 954

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 955

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-96

<400> 955

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 956

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-96

<400> 956

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 957

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-96

<400> 957

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 958

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-96

<400> 958

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 Ser Cys Arg 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 Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 959

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-96 of scFv

<400> 959

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30
Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80
Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 960

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-96 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 960

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

 485 490 495
 Val Leu

<210> 961

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-97

<400> 961

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 962

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-97

<400> 962

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 963

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-97

<400> 963

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 964

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-97

<400> 964

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 965

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-97

<400> 965

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 966

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-97

<400> 966

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 967

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-97

<400> 967

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 968

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-97

<400> 968

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

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 969

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-97 scFv

<400> 969

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 970

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-97 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 970

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala 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

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 971

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-98

<400> 971

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 972

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-98

<400> 972

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 973

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-98

<400> 973

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 974

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-98

<400> 974

Arg Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 975

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-98

<400> 975

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 976

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-98

<400> 976

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 977

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-98

<400> 977

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 978

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-98

<400> 978

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 Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 979

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-98 scFv

<400> 979

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 Asn Phe
 20 25 30
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
 115 120 125
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

 165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

 180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

 195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

 210 215 220
Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 980

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-98 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 980

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 981

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-99

<400> 981

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 982

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-99

<400> 982

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 983

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-99

<400> 983

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 984

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-99

<400> 984

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 985

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-99

<400> 985

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 986

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-99

<400> 986

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 987

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-99

<400> 987

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 988

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-99

<400> 988

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 989

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-99 scFv

<400> 989

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 990

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-99 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 990

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 Asn Phe
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr
305 310 315 320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn
325 330 335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn
340 345 350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr
385 390 395 400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu
450 455 460
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val
465 470 475 480
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495
Val Leu

<210> 991

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-100

<400> 991

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 992

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-100

<400> 992

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 993

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-100

<400> 993

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 994

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-100

<400> 994

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 995

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-100

<400> 995

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 996

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-100

<400> 996

Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 997

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-100

<400> 997

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 998

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-100

<400> 998

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

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile
35 40 45
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 999

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-100 scFv

<400> 999

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 Asn Phe

20 25 30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140
Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175
Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220
Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240
Glu Ile Lys

<210> 1000

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-100 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 1000

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 Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

Val Leu 485 490 495

<210> 1001

<211> 555

<212> DNA

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(555)

<223> human BCMA

 $\langle 400 \rangle$ 1001

atgttcaga tggctgggca gtgctccaa aatgaatatt ttgacagttt gttgcatgct 60
tgcatacctt gtcaacttcg atgttcttct aatactctc ctctaacatg tcagcgttat 120
tgtaatgcaa gtgtgaccaa ttcagtga aa ggaacgaatg cgattctctg gacctgtttg 180
ggactgagct taataatttc ttgggcagtt ttcgtgctaa tgtttttgc t aaggaagata 240

aactctgaac cattaaagga cgagtttaa aacacaggat caggtctcct gggcatggct	300
aacattgacc tggaaaagag caggactggg gatgaaatta ttcttcgag aggcctcgag	360
tacacggtgg aagaatgcac ctgtgaagac tgcataaga gcaaaccgaa ggtcgactct	420
gaccattgct ttccactccc agctatggag gaaggcgcaa ccattcttgt caccacgaaa	480
acgaatgact attgcaagag cctgccagct gctttgagtg ctacggagat agagaaatca	540
atttctgcta ggtaa	555

<210> 1002

<211> 184

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(184)

<223> human BCMA

<400> 1002

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15
 Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr
 20 25 30
 Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser
 35 40 45
 Val Lys Gly Thr Asn Ala Ile Leu Trp Thr Cys Leu Gly Leu Ser Leu

 50 55 60
 Ile Ile Ser Leu Ala Val Phe Val Leu Met Phe Leu Leu Arg Lys Ile
 65 70 75 80
 Asn Ser Glu Pro Leu Lys Asp Glu Phe Lys Asn Thr Gly Ser Gly Leu
 85 90 95
 Leu Gly Met Ala Asn Ile Asp Leu Glu Lys Ser Arg Thr Gly Asp Glu
 100 105 110
 Ile Ile Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys

 115 120 125
 Glu Asp Cys Ile Lys Ser Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe
 130 135 140
 Pro Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys
 145 150 155 160
 Thr Asn Asp Tyr Cys Lys Ser Leu Pro Ala Ala Leu Ser Ala Thr Glu
 165 170 175
 Ile Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg
 180

<210> 1003

<211> 558

<212> DNA

<213> mouse

<220><221> misc

<222> (1)..(558)

<223> mouse BCMA

<400> 1003

atggcgcaac agtgtttcca cagtgaatat ttgacagtc tgctgcatgc ttgcaaaccg 60

tgctacttgc gatgttccaa ccttcctgca acctgtcagc cttactgtga tccaagcgtg 120
accagttcag tgaagggac gtacacggtg ctttgatct tcttgggct gaccttggtc 180
ctctctttgg cacttttcac aatctcattc ttgctgagga agatgaaccc cgaggccctg 240
aaggacgagc ctcaaagccc aggtcagctt gacggatcgg ctcagctgga caaggccgac 300

accgagctga ctaggatcag ggctgggtgac gacaggatct ttccccgaag cctggagtat 360
acagtggaag agtgcacctg tgaggactgt gtcaagagca aaccaaggg ggattctgac 420
catttcttcc cgcttcacgc catggaggag ggggcaacca ttctgtcac cacaaaaacg 480
ggtgactacg gcaagtcaag tgtgccaact gctttgcaaa gtgtcatggg gatggagaag 540
ccaactcaca ctagataa 558

<210> 1004
<211> 185
<212> PRT
<213> mouse
<220><221> misc
<222> (1)..(185)
<223> mouse BCMA
<400> 1004

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

Leu Phe Thr Ile Ser Phe Leu Leu Arg Lys Met Asn Pro Glu Ala Leu
65 70 75 80
Lys Asp Glu Pro Gln Ser Pro Gly Gln Leu Asp Gly Ser Ala Gln Leu
85 90 95
Asp Lys Ala Asp Thr Glu Leu Thr Arg Ile Arg Ala Gly Asp Asp Arg
100 105 110
Ile Phe Pro Arg Ser Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys Glu

115	120	125	
Asp Cys Val Lys Ser Lys Pro Lys Gly Asp Ser Asp His Phe Phe Pro			
130	135	140	
Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys Thr			
145	150	155	160
Gly Asp Tyr Gly Lys Ser Ser Val Pro Thr Ala Leu Gln Ser Val Met			
165	170	175	
Gly Met Glu Lys Pro Thr His Thr Arg			
180	185		
<210> 1005			
<211> 552			
<212> DNA			
<213> rhesus monkey			
<220><221> misc			
<222> (1)..(552)			
<223> rhesus monkey BCMA			
<400> 1005			
atgttcgaga tggctcggca gtgctcccaa aatgaatatt ttgacagttt gttgcatgat			60
tgcaaacctt gtcaacttcg atgttctagt actcctcctc taacatgtca gcgttattgc			120
aatgcaagta tgaccaattc agtgaaagga atgaatgcga ttctctggac ctgtttggga			180
ctgagcttga taatttcttt ggcagttttc gtgctaactg ttttgctaag gaagatgagc			240
tctgaacctt taaaggatga gtttaaaaac acaggatcag gtctcctggg catggctaac			300
attgacctgg aaaagggcag gactggtgat gaaattgttc ttccaagagg cctggagtac			360
acggtggaag aatgcacctg tgaagactgc atcaagaata aaccaaaggt tgattctgac			420
cattgctttc cactcccagc catggaggaa ggcgcaacca ttctcgtcac cacgaaaacg			480
aatgactatt gcaatagcct gtcagctgct ttgagtgtta cggagataga gaaatcaatt			540
tctgctaggt aa			552
<210> 1006			
<211> 183			
<212> PRT			
<213> rhesus monkey			
<220><221> misc			

<222> (1)..(183)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1006

Met Leu Gln Met Ala Arg Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

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

65 70 75 80
Ser Glu Pro Leu Lys Asp Glu Phe Lys Asn Thr Gly Ser Gly Leu Leu
85 90 95
Gly Met Ala Asn Ile Asp Leu Glu Lys Gly Arg Thr Gly Asp Glu Ile
100 105 110
Val Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys Glu
115 120 125
Asp Cys Ile Lys Asn Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe Pro

130 135 140
Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys Thr
145 150 155 160
Asn Asp Tyr Cys Asn Ser Leu Ser Ala Ala Leu Ser Val Thr Glu Ile
165 170 175
Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg
180

<210> 1007

<211> 54

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(54)

<223> human BCMA

<400> 1007

```
Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser
1           5           10           15
Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr
           20           25           30
Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser
           35           40           45
Val Lys Gly Thr Asn Ala
           50
```

<210> 1008

<211> 49

<212> PRT

<213> mouse

<220><221

> misc

<222> (1)..(49)

<223> mouse BCMA

<400> 1008

```
Met Ala Gln Gln Cys Phe His Ser Glu Tyr Phe Asp Ser Leu Leu His
1           5           10           15
Ala Cys Lys Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Asn Pro Pro Ala Thr Cys
           20           25           30
Gln Pro Tyr Cys Asp Pro Ser Val Thr Ser Ser Val Lys Gly Thr Tyr
           35           40           45
Thr
```

<210> 1009

<211> 51

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1009

Met Ala Gln Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser Leu Leu His

1 5 10 15

Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr Pro Pro Leu

20 25 30

Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser Val Lys Gly

35 40 45

Thr Asn Ala

50

<210> 1010

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1010

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Phe His Ser Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala

50

<210> 1011

<211> 52

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1011

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Asn Pro Pro

20 25 30

Ala Thr Cys Gln Pro Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser Val Lys
 35 40 45

Gly Thr Asn Ala
 50

<210> 1012

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1012

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser
 1 5 10 15
 Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr
 20 25 30
 Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asp Pro Ser Val Thr Ser Ser
 35 40 45

Val Lys Gly Thr Tyr Thr
 50

<210> 1013

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1013

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser
 1 5 10 15
 Leu Leu His Ala Cys Lys Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr
 20 25 30
 Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser
 35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala
 50

<210> 1014

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1014

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala

50

<210> 1015

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1015

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Pro Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala

50

<210> 1016

<211> 18

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(18)

<223> human BCMA

<400> 1016

Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg

1 5 10 15

Tyr Cys

<210> 1017

<211> 17

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(17)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1017

Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Thr Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr

1 5 10 15

Cys

<210> 1018

<211> 7

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(7)

<223> human BCMA

<400> 1018

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln

1 5

<210> 1019

<211> 13

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(13)

<223> human BCMA

<400> 1019

Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser Val Lys Gly Thr Asn Ala

1 5 10

<210> 1020

<211> 7

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(7)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1020

Met Leu Gln Met Ala Arg Gln

1 5

<210> 1021

<211> 13

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(13)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1021

Asn Ala Ser Met Thr Asn Ser Val Lys Gly Met Asn Ala

1 5 10

<210> 1022

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-101

<400> 1022

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Asp Met Ala

1 5 10

<210> 1023

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-101

<400> 1023

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1024

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-101

<400> 1024

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 1025

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-101

<400> 1025

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 1026

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-101

<400> 1026

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 1027

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-101

<400> 1027

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 1028

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-101

<400> 1028

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1029

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-101

<400> 1029

Glu Thr Val Met Thr Gln Ser Pro Thr Ser Met Ser Thr Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Glu Arg Val Thr Leu Asn Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn
 20 25 30
 Val Asp Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly

 50 55 60
 Ser Gly Phe Gly Arg Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Val Glu Ala
 65 70 75 80
 Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe
 85 90 95
 Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
 100 105

<210> 1030

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-101 scFv

<400> 1030

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

Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Val	Ser	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Ser	Thr	Leu	Tyr
65				70				75				80			
Leu	Gln	Met	Asp	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys
85				90				95							
Val	Arg	His	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Ser	Tyr	Gly	Phe	Ala	Tyr	Trp	Gly
100				105				110							
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly
115				120				125							
Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Thr	Val	Met	Thr	Gln	Ser
130				135				140							
Pro	Thr	Ser	Met	Ser	Thr	Ser	Ile	Gly	Glu	Arg	Val	Thr	Leu	Asn	Cys
145				150				155				160			
Lys	Ala	Ser	Gln	Ser	Val	Gly	Ile	Asn	Val	Asp	Trp	Tyr	Gln	Gln	Thr
165				170				175							
Pro	Gly	Gln	Ser	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Gly	Ala	Ser	Asn	Arg	His
180				185				190							
Thr	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Thr	Gly	Ser	Gly	Phe	Gly	Arg	Asp	Phe
195				200				205							
Thr	Leu	Thr	Ile	Ser	Asn	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Ala	Val	Tyr	Tyr
210				215				220							
Cys	Leu	Gln	Tyr	Gly	Ser	Ile	Pro	Phe	Thr	Phe	Gly	Ser	Gly	Thr	Lys
225				230				235				240			
Leu Glu Leu Lys															

<210> 1031

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-102

<400> 1031

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His Ile Ile His

1 5 10

<210> 1032

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-102

<400> 1032

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Asp Thr Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1033

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-102

<400> 1033

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Met Asp Val Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1034

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-102

<400> 1034

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 1035

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-102

<400> 1035

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 1036

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-102

<400> 1036

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 1037

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-102

<400> 1037

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn

20 25 30

His Ile Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Asp Thr Glu Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Met Asp Val Met Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1038

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-102

<400> 1038

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
 20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105

<210> 1039

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-102 scFv

<400> 1039

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

Phe	Lys	Gly	Lys	Ala	Thr	Leu	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Thr	Thr	Ala				
65					70					75					80				
Tyr	Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Ser	Glu	Asp	Ser	Ala	Val	Tyr	Tyr				
85					90					95									
Cys	Ala	Arg	Asp	Gly	Tyr	Tyr	Arg	Asp	Met	Asp	Val	Met	Asp	Tyr	Trp				
100					105					110									
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly				
115					120					125									
Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Leu	Val	Met	Thr	Gln	Thr				
130					135					140									
Pro	Ser	Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys				
145					150					155					160				
Arg	Ala	Ser	Gln	Asp	Ile	Ser	Asn	Tyr	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys				
165					170					175									
Pro	Asp	Gly	Thr	Val	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Tyr	Thr	Ser	Arg	Leu	His				
180					185					190									
Ser	Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Tyr				
195					200					205									
Ser	Leu	Thr	Ile	Ser	Asn	Leu	Glu	Gln	Glu	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Phe				
210					215					220									
Cys	Gln	Gln	Gly	Asn	Thr	Leu	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys				
225					230					235					240				
Leu Glu Ile Lys																			

<210> 1040

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-103

<400> 1040

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Asp Met Ala
1 5 10

<210> 1041

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-103

<400> 1041

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1042

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-103

<400> 1042

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 1043

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-103

<400> 1043

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 1044

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-103

<400> 1044

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 1045

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-103

<400> 1045

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr
1 5

<210> 1046

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-103

<400> 1046

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Leu Gln Pro Gly
1 5 10 15
Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn
20 25 30
Tyr Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Lys Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Val Ala Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser

50 55 60
Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1047

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-103

<400> 1047

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Val Thr Ile Glu Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly
 20 25 30
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Ser Gly Met Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Glu Ala Asn Tyr Phe Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu
 85 90 95
 Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
 100 105

<210> 1048

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-103 scFv

<400> 1048

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

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala
130 135 140
Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Thr Val Thr Ile Glu Cys Arg Ala
145 150 155 160
Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
165 170 175
Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly
180 185 190

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu
195 200 205
Lys Ile Ser Gly Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asn Tyr Phe Cys Gln
210 215 220
Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu
225 230 235 240
Leu Lys Gly Ser

<210> 1049

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-104

<400> 1049

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe Asp Met Ala
1 5 10

<210> 1050

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-104

<400> 1050

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1051

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-104

<400> 1051

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1052

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-104

<400> 1052

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu

1 5 10

<210> 1053

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-104

<400> 1053

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 1054

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-104

<400> 1054

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 1055

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-104

<400> 1055

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr

85 90 95

Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Ala Ser Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1056

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-104

<400> 1056

```

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly
1           5           10           15
Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr
           20           25           30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile
           35           40           45
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

           50           55           60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Pro
65           70           75           80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr
           85           90           95
Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
           100          105

```

<210> 1057

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-104 scFv

<400> 1057

```

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

```

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
 85 90 95
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp
 100 105 110
Gly Gln Gly Ala Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
 115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr
 130 135 140
Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys
 165 170 175
Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln
 180 185 190

Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr
 195 200 205
Ser Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr
 210 215 220
Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1058

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-105

<400> 1058

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe Asp Met Ala
1 5 10

<210> 1059

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-105

<400> 1059

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1060

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-105

<400> 1060

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1061

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-105

<400> 1061

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 1062

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-105

<400> 1062

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 1063

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-105

<400> 1063

Gln Gln Tyr Asp Ser Phe Pro Leu Thr

1 5

<210> 1064

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-105

<400> 1064

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr

85 90 95

Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1065

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-105

<400> 1065

```

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly
1           5           10           15
Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His
           20           25           30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile
           35           40           45
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

           50           55           60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65           70           75           80
Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ser Phe Pro Leu
           85           90           95
Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
           100          105

```

<210> 1066

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-105 scFv

<400> 1066

```

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

```

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr
130 135 140
Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln
180 185 190

Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr
195 200 205
Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr
210 215 220
Cys Gln Gln Tyr Asp Ser Phe Pro Leu Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1067

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-106

<400> 1067

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe Asp Met Ala
1 5 10

<210> 1068

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-106

<400> 1068

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1069

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-106

<400> 1069

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1070

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-106

<400> 1070

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 1071

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-106

<400> 1071

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 1072

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-106

<400> 1072

Gln Gln Phe Asp Thr Ser Pro Tyr Thr
1 5

<210> 1073

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-106

<400> 1073

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
1 5 10 15
Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn
20 25 30
Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser
50 55 60
Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Val Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1074

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-106

<400> 1074

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asp Thr Ser Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1075

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-106 scFv

<400> 1075

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu
65 70 75 80
Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
85 90 95
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Val Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr
130 135 140
Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln
180 185 190

Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr
195 200 205
Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr
210 215 220
Cys Gln Gln Phe Asp Thr Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1076

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-107

<400> 1076

Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr Tyr Ile Asn
1 5 10

<210> 1077

<211> 13

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-107

<400> 1077

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu

1 5 10

<210> 1078

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-107

<400> 1078

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1079

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-107

<400> 1079

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 1080

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-107

<400> 1080

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 1081

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-107

<400> 1081

Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1082

<211> 120

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-107

<400> 1082

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp

20 25 30

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1083

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-107

<400> 1083

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1084

<211> 247

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-107 scFv

<400> 1084

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp

20 25 30

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe
 85 90 95
 Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

 115 120 125
 Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu
 130 135 140
 Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser
 145 150 155 160
 Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr
 165 170 175
 Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser

 180 185 190
 Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
 195 200 205
 Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
 210 215 220
 Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly
 225 230 235 240
 Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 245

<210> 1085

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-108

<400> 1085

Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5 10

<210> 1086

<211> 13

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-108

<400> 1086

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu

1 5 10

<210> 1087

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-108

<400> 1087

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1088

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-108

<400> 1088

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 1089

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-108

<400> 1089

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 1090

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-108

<400> 1090

Phe Gln Gly Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 1091

<211> 120

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-108

<400> 1091

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Gln Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp

20 25 30

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1092

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-108

<400> 1092

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser
 20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Gly Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 1093

<211> 247

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-108 scFv

<400> 1093

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

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp
 35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg
 50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala
 65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe
 85 90 95

Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu

130 135 140
Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser

145 150 155 160
Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr

165 170 175
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser

180 185 190
Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Gly Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly

210 215 220
Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245