



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 109803981 B

(45) 授权公告日 2024. 09. 13

(21) 申请号 201780051984.8

(22) 申请日 2017.08.24

(65) 同一申请的已公布的文献号  
申请公布号 CN 109803981 A

(43) 申请公布日 2019.05.24

(30) 优先权数据  
102016115974.3 2016.08.26 DE  
62/379,864 2016.08.26 US

(85) PCT国际申请进入国家阶段日  
2019.02.25

(86) PCT国际申请的申请数据  
PCT/EP2017/071347 2017.08.24

(87) PCT国际申请的公布数据  
W02018/037085 EN 2018.03.01

(73) 专利权人 伊玛提克斯生物技术有限公司  
地址 德国蒂宾根

(72) 发明人 安德烈·马尔 托尼·温斯切尼克  
安妮塔·维贝 克莱特·宋  
奥利弗·施尔 延斯·弗里切  
哈普瑞特·辛格

(74) 专利代理机构 华进联合专利商标代理有限公司 44224  
专利代理师 黄爱娇

(51) Int.Cl.  
C07K 14/47 (2006.01)

(56) 对比文件  
PH 12012501822 A1, 2012.11.12  
CN 101287754 A, 2008.10.15  
审查员 刘帅

权利要求书1页 说明书89页  
序列表29页 附图23页

(54) 发明名称

用于头颈鳞状细胞癌和其他癌症免疫治疗  
的新型肽和支架

(57) 摘要

本发明涉及用于免疫治疗方法的肽、蛋白、核酸和细胞。特别是,本发明涉及癌症的免疫疗法。本发明还涉及单独使用或与其他肿瘤相关肽(能够例如作为刺激抗肿瘤免疫反应或体外刺激T细胞并转入患者的疫苗组合物的活性药物成分)联合使用的肿瘤相关T细胞(CTL)肽表位。与主要组织相容性复合体(MHC)分子结合的肽或与此同类的肽也可以是抗体、可溶性T细胞受体和其他结合分子的靶标。

1. 一种肽,所述肽由SEQ ID NO:1的氨基酸序列组成。
2. 根据权利要求1所述的肽,其中所述肽有能力与MHC-I类分子结合,其中所述肽与MHC结合时能够被CD8 T细胞识别。
3. 根据权利要求1或2所述的肽的药用盐。
4. 一种核酸,所述核酸编码权利要求1所述的肽。
5. 根据权利要求4所述的核酸,其中,所述核酸与异源启动子序列连接。
6. 一种表达载体,所述表达载体包括权利要求4所述的核酸。
7. 一种重组宿主细胞,其包含权利要求4所述的核酸或权利要求6所述的表达载体。
8. 根据权利要求7所述的重组宿主细胞,其中所述重组宿主细胞为抗原提呈细胞。
9. 根据权利要求8所述的重组宿主细胞,其中所述抗原提呈细胞为树突状细胞。
10. 一种体外制备激活的T淋巴细胞的方法,该方法包括将T细胞与在合适的抗原提呈细胞表面表达的载有抗原的人MHC-I类分子体外接触一段时间,该时间足以以抗原特异性的方式激活T细胞,其中所述抗原为权利要求1或2所述的肽。
11. 一种制备权利要求1或2所述的肽的方法,该方法包括培养权利要求7至9中任一项所述的重组宿主细胞,以及从所述重组宿主细胞或其培养基中分离出所述肽。
12. 一种药物组合物,其包含至少一种选自以下的活性成分和至少一种另外的成分:
  - a) 肽或其药用盐,所述肽的序列为SEQ ID NO:1;
  - b) 编码a)的核酸或包含该核酸的表达载体;
  - c) 包括b)的表达载体的重组宿主细胞;所述至少一种另外的成分选自药学上可接受的载体、和/或药学上可接受的赋形剂或稳定剂。
13. 根据权利要求12所述的药物组合物,其中所述药物组合物是细胞治疗组合物。
14. 根据权利要求12所述的药物组合物,其中所述药物组合物为疫苗。
15. 根据权利要求12所述的药物组合物,其中所述药物组合物还包括佐剂。
16. 根据权利要求15所述的药物组合物,其中佐剂为白细胞介素。
17. 根据权利要求16所述的药物组合物,其中所述白细胞介素是IL-2、IL-15或其组合。
18. 一种试剂盒,包含:
  - (a) 容器,包含药物组合物,该药物组合物含有溶液或冻干的形式根据权利要求1或2所述的肽、权利要求3所述的药用盐、权利要求4或5所述的核酸、权利要求6所述的表达载体或权利要求7至9中任一项所述的重组宿主细胞;以及
  - b) 和c)中的至少一种;
  - (b) 第二容器,其含有用于冻干制剂的稀释液或重构液;和/或
  - (c) 至少一种另外的肽,所述至少一种另外的肽选自SEQ ID NO:2和SEQ ID NO:4至SEQ ID NO:156。
19. 根据权利要求18所述的试剂盒,其中所述试剂盒还包含(i)缓冲剂、(ii)稀释剂、(iii)过滤器,(iv)针,(v)注射器或(vi)佐剂中的一种或多种。
20. 根据权利要求19所述的试剂盒,其中所述佐剂为白细胞介素。
21. 根据权利要求20所述的试剂盒,其中所述白细胞介素为IL-2、IL-5或其组合。

## 用于头颈鳞状细胞癌和其他癌症免疫治疗的新型肽和支架

### 技术领域

[0001] 本发明涉及用于免疫治疗方法的肽、蛋白质、核酸和细胞。特别是,本发明涉及癌症的免疫疗法。本发明还涉及单独使用或与其他肿瘤相关肽(刺激抗肿瘤免疫反应或体外刺激T细胞并转入患者的疫苗复合物的活性药物成分)联合使用的肿瘤相关T细胞(CTL)肽表位。与主要组织相容性复合体(MHC)分子结合的肽或与此同类的肽也可以是抗体、可溶性T细胞受体和其他结合分子的靶标。

[0002] 本发明涉及数种新型肽序列及其变体,它们源自人肿瘤细胞的HLA-I类分子,可用于引发抗肿瘤免疫反应的疫苗组合物中或作为开发药物/免疫活性化合物和细胞的目标。

### 背景技术

[0003] 头颈鳞状细胞癌(HNSCC)是异质肿瘤,其流行病学、病因和治疗均具有差异(Economopoulou et al., 2016)。这些肿瘤根据它们开始发生的部位来分类。它们包括口腔(嘴唇,前三分之二舌头、牙龈、面颊和嘴唇内膜、口腔底、硬腭)癌、咽(鼻咽,口咽包括软腭、舌底、扁桃体、下咽)癌、喉癌、鼻旁窦和鼻腔癌以及唾液腺癌(National Cancer Institute, 2015)。

[0004] HNSCC是世界上第六大常见恶性肿瘤,约占全球所有确诊癌症病例的6%(Economopoulou et al., 2016)。HNSCC的特征是发病率和解剖学分布的地理差异很大(Vigneswaran and Williams, 2014)。高风险国家位于南亚和东南亚(如,印度、斯里兰卡、孟加拉国、巴基斯坦)。在这些地区,口腔鳞状细胞癌(OSCC)是男性中最常见的癌症,也是女性中第三大常见癌症(Vigneswaran and Williams, 2014)。在欧洲,法国、匈牙利、斯洛伐克和斯洛文尼亚地区发现OSCC的发病率高。在美国,HNSCC是男性中第八大常见的癌症。

[0005] HNSCC的主要风险因素是饮酒和吸烟。HNSCC其他风险因素包括饮用马黛茶,还有腌制或盐制食品,使用槟榔,职业暴露于木屑、石棉和合成纤维,辐射暴露,致癌型人乳头瘤病毒(HPV)或Epstein-Barr病毒(EBV)和遗传(特别是鼻咽SCC华裔)(National Cancer Institute, 2015)。

[0006] 虽然OSCC和喉SCC在发达国家有所下降,但是口咽SCC发病率有所增加。这归因于SCC生物驱动因素的变化(HPV相关SCC而不是吸烟相关的SCC)。从1988年到2004年,HPV相关口咽癌增加了225%(National Cancer Institute, 2015)。HPV阳性HNSCC可能代表一个独特的疾病实体。这些肿瘤与生存显著改善相关。

[0007] 发病率取决于性别:男女比例范围为2:1至4:1(2014年世卫组织基本药物列表癌症药物审查)。HNSCC患者的五年总体生存率为40-50%(World Health Organization, 2014)。虽然早期癌症(T1、T2)的治愈率为70%-95%(Nat Cancer Inst),但大多数HNSCC患者存在局部晚期疾病(Bauml et al., 2016)。

[0008] 早期HNSCC的治疗包括手术或放射的单一模式治疗(World Health Organization, 2014)。晚期癌症通过化疗联合手术和/或放疗进行治疗。

[0009] 化疗主要包括顺铂或含有顺铂的药物组合,其中包括多西他赛,顺铂、氟尿嘧啶

(5-FU) 或顺铂、表柔比星、博来霉素或顺铂、5-FU。异维甲酸 (13-顺式视黄酸) 用于口腔SCC和喉SCC, 每日1次, 共使用1年, 以降低二次肿瘤的发生率 (National Cancer Institute, 2015)。

[0010] HNSCC被视为是一种免疫抑制疾病, 其特征免疫活性细胞和受损细胞因子分泌的失调 (Economopoulou et al., 2016)。HPV阴性和HPV阳性肿瘤的免疫治疗策略不同。

[0011] 对于HPV阳性肿瘤, 病毒癌蛋白E6和E7代表着良好的靶标, 这是因为它们连续地通过肿瘤细胞中表达, 对于保持HPV阳性癌细胞的转化状态必不可少。几种疫苗疗法目前正在HPV阳性HNSCC中进行研究, 包括DNA疫苗、肽疫苗和涉及树突状细胞 (DC) 的疫苗。此外, 正在进行的II期临床试验在HPV阳性肿瘤患者中研究了淋巴细胞耗竭继而自体输注TIL的疗效 (Economopoulou et al., 2016)。

[0012] 在HPV阴性肿瘤中, 目前正在使用和研究几种免疫治疗策略。嵌合IgG1抗EGFR单克隆抗体西妥昔单抗已被FDA批准用于组合化疗, 作为复发/转移性HNSCC的标准一线治疗。其他的抗EGFR单克隆抗体 (包括帕尼单抗、尼妥珠单抗和扎妥木单抗) 在HNSCC中进行了评估。一些免疫检查点抑制剂在HNSCC的用途在临床试验中进行了研究。它们包括以下抗体: 易普利姆玛 (抗CTLA-4)、曲美木单抗 (tremelimumab, 抗CTLA-4)、彭博罗珠单抗 (pembrolizumab, 抗PD-1)、纳武单抗 (nivolumab, 抗PD-1)、durvalumab (抗PD-1)、抗KIR、urelumab (抗CD137) 和抗LAG-3。

[0013] HNSCC患者的两项临床研究评估了载有p53肽或凋亡肿瘤细胞的DC的用途。免疫应答令人满意的, 副作用可以接受。

[0014] 数项研究使用了过继性T细胞疗法 (ACT) 进行。T细胞被诱导对抗任何辐照的自体肿瘤细胞或EB病毒。疾病控制和总生存率结果是看好的 (Economopoulou et al., 2016)。

[0015] 考虑到治疗癌症相关的严重副作用和费用, 通常有必要确定可用于治疗癌症的因子, 尤其是头颈鳞状细胞癌。通常也有必要确定代表癌症生物标志物的因子, 尤其是头颈鳞状细胞癌, 从而更好地诊断癌症、评估预后和预测治疗成功性。

[0016] 癌症免疫治疗代表了癌症细胞特异性靶向作用的一个选项, 同时最大限度地减少副作用。癌症免疫疗法利用存在的肿瘤相关抗原。

[0017] 肿瘤相关抗原 (TAA) 的目前分类主要包括以下几组:

[0018] a) 癌-睾丸抗原: T细胞能够识别的最先确认的TAA属于这一类抗原, 由于其成员表达于组织学相异的人肿瘤中、正常组织中、仅在睾丸的精母细胞/精原细胞中、偶尔在胎盘中, 因此, 它最初被称为癌-睾丸 (CT) 抗原。由于睾丸细胞不表达HLA I类和II类分子, 所以, 在正常组织中, 这些抗原不能被T细胞识别, 因此在免疫学上可考虑为具有肿瘤特异性。CT抗原大家熟知的例子是MAGE家族成员和NY-ESO-1。

[0019] b) 分化抗原: 肿瘤和正常组织 (肿瘤源自该组织) 都含有TAA。大多数已知的分化抗原发现于黑色素瘤和正常黑色素细胞中。许多此类黑色素细胞谱系相关蛋白参与黑色素的生物合成, 因此这些蛋白不具有肿瘤特异性, 但是仍然被广泛用于癌症的免疫治疗。例子包括, 但不限于, 黑色素瘤的酪氨酸酶和Melan-A/MART-1或前列腺癌的PSA。

[0020] c) 过量表达的TAA: 在组织学相异的肿瘤中以及许多正常组织中都检测到了基因编码被广泛表达的TAA, 一般表达水平较低。有可能许多由正常组织加工和潜在提呈的表位低于T细胞识别的阈值水平, 而它们在肿瘤细胞中的过量表达能够通过打破先前确立的耐

受性而引发抗癌反应。这类TAA的典型例子为Her-2/neu、生存素、端粒酶或WT1。

[0021] d) 肿瘤特异性抗原: 这些独特的TAA产生于正常基因(如 $\beta$ -catenin、CDK4等)的突变。这些分子变化中有一些与致癌性转化和/或进展相关。肿瘤特异性抗原一般可在不对正常组织带来自体免疫反应风险的情况下诱导很强的免疫反应。另一方面, 这些TAA在多数情况下只与其上确认了有TAA的确切肿瘤相关, 并且通常在许多个体肿瘤之间并不都共享TAA。在含有肿瘤特定(相关)同种型蛋白的情况下, 如果肽源自肿瘤(相关)外显子也可能出现肽肿瘤特异性(或相关性)。

[0022] e) 由异常翻译后修饰产生的TAA: 此类TAA可能由肿瘤中既不具有特异性也不过量表达的蛋白产生, 但其仍然具有肿瘤相关性(该相关性由主要对肿瘤具有活性的翻译后加工所致)。此类TAA产生于变糖基化模式的改变, 导致肿瘤产生针对MUC1的新型表位或在降解过程中导致诸如蛋白拼接的事件, 这可能具有也可能不具有肿瘤特异性。

[0023] f) 肿瘤病毒蛋白: 这些TTA是病毒蛋白, 可在致癌过程中发挥关键作用, 并且由于它们是外源蛋白(非人源蛋白), 所以能够激发T细胞反应。这类蛋白的例子有人乳头状瘤16型病毒蛋白、E6和E7, 它们在宫颈癌中表达。

[0024] 基于T细胞的免疫治疗靶向作用于主要组织相容性复合体(MHC)分子提呈的来源于肿瘤相关蛋白或肿瘤特异性蛋白的肽表位。肿瘤特异性T淋巴细胞所识别的抗原, 即其表位, 可以是源自所有蛋白类型的分子, 如酶、受体、转录因子等, 它们在相应肿瘤的细胞中被表达, 并且与同源未变的细胞相比, 其表达通常上调。

[0025] MHC分子有两类: MHC I类和MHC II类。MHC I类分子由一条 $\alpha$ 重链和 $\beta$ -2-微球蛋白, MHC II类分子由一条 $\alpha$ 和一条 $\beta$ 链组成。其三位构造形成一个结合槽, 用于与肽进行非共价相互作用。

[0026] 大部分有核细胞上都可发现MHC-I类分子。他们提呈主要为内源性的蛋白、缺陷核糖体产物(DRIP)和较大肽裂解生成的肽。然而, 源自内体结构或外源性来源的肽也经常在MHC-I类分子上发现。这种I-类分子非经典提呈方式在文献中被称为交叉提呈(Brossart and Bevan, 1997; Rock et al., 1990)。MHC II类分子主要发现于专业抗原提呈细胞(APC)上, 并且主要提呈, 例如, 在内吞作用过程中由APC占据并且随后被加工的外源性或跨膜蛋白的肽。

[0027] 肽和MHC I类的复合体由负载相应T细胞受体(TCR)的CD8阳性T细胞进行识别, 而肽和MHC II类分子的复合体由负载相应TCR的CD4阳性辅助T细胞进行识别。因此, TCR、肽和MHC按照1:1:1的化学计量呈现, 这一点已是共识。

[0028] CD4阳性辅助T细胞在诱导和维持CD8阳性细胞毒性T细胞的有效反应中发挥重要作用。肿瘤相关抗原(TAA)衍生的CD4阳性T细胞表位的识别对开发能引发抗肿瘤免疫反应的药物产品可能非常重要(Gnjatic et al., 2003)。在肿瘤部位, T辅助细胞维持着对细胞毒性T细胞(CTL)友好的细胞因子环境(Mortara et al., 2006)并吸引效应细胞, 如CTL、天然杀伤(NK)细胞、巨噬细胞和粒细胞(Hwang et al., 2007)。

[0029] 在没有炎症的情况下, MHC II类分子的表达主要局限于免疫系统细胞, 尤其是专业抗原提呈细胞(APC), 例如, 单核细胞、单核细胞源性细胞、巨噬细胞、树突状细胞。在癌症患者的肿瘤细胞中发现有MHC II类分子的表达(Dengjel et al., 2006)。

[0030] 本发明的延长(较长)肽可作为MHC-II类活性表位。

[0031] MHC-II类表位活化的辅助T细胞在编排抗肿瘤免疫的CTL效应子功能中发挥着重要作用。触发 $T_H$ 细胞反应的辅助T细胞表位支援CD8阳性杀伤T细胞的效应子功能,其中包括直接作用于肿瘤细胞的细胞毒性功能(该类肿瘤细胞表面显示有肿瘤相关肽/MHC复合体)。这样,肿瘤相关T辅助细胞表位单独使用或与其他肿瘤相关肽结合使用可作为刺激抗肿瘤免疫反应的疫苗化合物的活性药物成分。

[0032] 哺乳动物(如小鼠)模型显示,即使没有CD8阳性T淋巴细胞,CD4阳性T细胞也能通过分泌干扰素- $\gamma$  (IFN  $\gamma$ ) 抑制血管生成而足以抑制肿瘤的表现(Beatty and Paterson, 2001; Mumberg et al., 1999)。没有CD4T细胞作为直接抗肿瘤效应因子的证据(Braumuller et al., 2013; Tran et al., 2014)。

[0033] 由于HLA II类分子的组成性表达通常仅限于免疫细胞,因此,直接从原发肿瘤中分离II类肽之前被认为是不可能的事。然而,Dengjel等人成功地在肿瘤中直接识别了多个MHC II类表位(WO 2007/028574, EP 1 760 088 B1)。

[0034] 由于CD8依赖型和CD4依赖型这两种反应共同并协同地促进抗肿瘤作用,因此,确定和表征由CD8+ T细胞(配体:MHC I类分子+肽表位)或CD4阳性T辅助细胞(配体:MHC II类分子)识别的肿瘤相关抗原对开发肿瘤疫苗非常重要。

[0035] 对于MHC I类肽触发(引发)细胞免疫反应的肽,它也必须与MHC分子结合。这一过程依赖于MHC分子的等位基因以及肽氨基酸序列的特异性多态性。MHC-I类-结合肽的长度通常为8-12个氨基酸残基,并且在其与MHC分子相应结合沟槽相互作用的序列中通常包含两个保守残基(“锚”)。这样,每个MHC的等位基因都有“结合基序”,从而确定哪些肽能与结合沟槽特异性结合。

[0036] 在MHC-I类依赖性免疫反应中,肽不仅能与肿瘤细胞表达的某些MHC-I类分子结合,而且它们之后还必须能被T细胞负载的特异性T细胞受体(TCR)识别。

[0037] 对于被T淋巴细胞识别为肿瘤特异性抗原或相关性抗原以及用于治疗蛋白质,必须具备特殊的条件。该抗原应主要由肿瘤细胞表达,而不由正常健康组织表达,或表达数量相对较少。在一个优选的实施方案中,与正常健康组织相比,所述肽应在肿瘤细胞中过度提呈。更为适宜的情况是,该相应抗原不仅出现于一种肿瘤中,而且浓度(即每个细胞的相应肽拷贝数目)高。肿瘤特异性抗原和肿瘤相关抗原往往是源自直接参与因细胞周期控制或凋亡抑制中的其功能而发生的正常细胞向肿瘤细胞转化的蛋白。另外,这些直接导致转化事件的蛋白的下游靶标可能会被上调,因此可能与肿瘤间接相关。这些间接肿瘤相关抗原也可能是预防接种方法的靶标(Singh-Jasuja et al., 2004)。至关重要的是,表位存在于抗原氨基酸序列中,以确保这种来自肿瘤相关抗原的肽(“免疫原性肽”)可导致体外或体内T细胞反应。

[0038] 基本上,任何能与MHC分子结合的肽都可能充当一个T细胞表位。诱导体外或体内T细胞反应的前提是存在具有相应TCR的T细胞并且不存在对该特定表位的免疫耐受性。

[0039] 因此,TAA是基于T细胞疗法(包括但不限于肿瘤疫苗)研发的起点。识别和表征TAA的方法通常基于对患者或健康受试者T细胞的使用情况,或基于肿瘤与正常组织肽之间差别转录特性或差别表达模式的产生。然而,对肿瘤组织或人肿瘤细胞株中过量表达或选择性表达的基因的识别并不提供在免疫疗法中使用这些基因所转录抗原的准确信息。这是因为,有着相应TCR的T细胞必须要存在而且对这个特定表位的免疫耐受性必须不存在或为最

低水平,因此,这些抗原的表位只有一部分适合这种应用。因此,在本发明的一非常优选的实施例中,只选择那些针对可发现功能性和/或增殖性T细胞情况的过量提呈或选择性提呈肽,这一点非常重要。这种功能性T细胞被定义为在以特异性抗原刺激后能够克隆地扩展并能够执行效应子功能(“效应子T细胞”)的T细胞。

[0040] 在通过根据本发明的特定TCR(例如可溶性TCR)和抗体或其他结合分子(支架)靶向作用于肽-MHC的情况下,潜在肽的免疫原性是次要的。在这些情况下,提呈是决定因素。

## 发明内容

[0041] 在本发明的第一方面,本发明涉及一种肽或其药用盐,包含选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的氨基酸序列,或该序列的与SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91具有至少77%、优选至少88%同源(优选至少77%或至少88%相同)的变体序列,其中变体与MHC结合和/或诱导T细胞与所述肽发生交叉反应,其中所述肽不是基本的全长多肽。

[0042] 本发明进一步涉及本发明的肽,包含选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的序列、或与SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91具有至少77%、优选至少88%同源性(优选为至少77%或至少88%相同)的变体,其中所述肽或其变体的总长度为8至100个、优选为8至30个、最优选为8至14个氨基酸。

[0043] 下表显示了根据本发明的肽、它们各自的SEQ ID NO、以及这些肽的可能源(潜在)基因。表1和表2中的所有肽均与HLA-A\*02结合。表2中的肽之前在大型列表中披露,作为高通量筛查结果,错误率高,或使用算法计算出,但之前未显示与癌症有任何关联。表3中的肽是可与本发明其他肽组合使用的其他肽。表4A和B中的肽还可用于诊断和/或治疗各种其他恶性疾病,这些疾病涉及过量表达或过度提呈各基本多肽。

[0044] 表1:本发明中的肽

[0045] J=磷酸丝氨酸

[0046]

序列 ID 号	序列	基因 ID	正式基因符号
1	GLAGGFGGPGFPV	286887, 3853, 3854	KRT6C, KRT6A, KRT6B
2	PVCPGGIQEV	286887, 3848, 3852, 3853, 3854, 9119	KRT6C, KRT1, KRT5, KRT6A, KRT6B, KRT75
3	SLYGLGGSKRISI	286887, 3853, 3854	KRT6C, KRT6A, KRT6B
4	ILDINDNPPV	100653137, 1830, 64072	DSG3, CDH23
5	VCPGGIQEV	286887, 3848, 3852, 3853, 3854, 9119	KRT6C, KRT1, KRT5, KRT6A, KRT6B, KRT75
6	ALYDAELSQM	286887, 3853, 3854	KRT6C, KRT6A, KRT6B
7	ALEENADLEV	3860, 3861, 3866, 3868, 400578, 644945, 729252	KRT13, KRT14, KRT15, KRT16, KRT16P2, KRT16P3, KRT16P1
8	AQLNIGNVLPV	6132	RPL8
9	STASAITPSV	3852	KRT5



[0047]

10	TLWPATPPKA	647024	C6orf132
11	VLFSSPPVI	5621	PRNP
12	TLTDEINFL	286887, 3853, 3854	KRT6C, KRT6A, KRT6B
13	SLVSYLDKV		未知基因
14	RIMEGIPTV	242	ALOX12B
15	SMLNNIINL	5317	PKP1
16	ALKDSVQRA	10765	KDM5B
17	SIWPALTQV	100381270	ZBED6
18	YLYPDL SRL	6538	SLC6A11
19	ALAKLLPLL	5655	KLK10
20	YLINEIDRIRA	667	DST
21	FLHEPFSSV	122665, 84659	RNASE8, RNASE7
22	KLPEPCPSTV	6707	SPRR3
23	SLPESGLLSV	2178	FANCE
24	LLIAINPQV	9635	CLCA2
25	SLCPPGGIQEV	196374	KRT78
26	TLVDENQSWYL	341208	HEPHL1
27	YLAEPQWAV	2196	FAT2
28	AVDPVSGSLYV	57451	TENM2
29	RLLPDLDEV	121551	BTBD11
30	TLASLGYAVV	91039	DPP9
31	HLATVKLLV	54101	RIPK4
32	IQDAEGAIHEV	165904	XIRP1
33	AIYEGVGWNV	57115	PGLYRP4
34	ALDTFSVQV	171177	RHOV
35	ALVGDVILTV	2196	FAT2
36	GLWSSIFSL	123745	PLA2G4E
37	ILLEDVFQL	285973	ATG9B
38	KLLPGVQYV	390928	PAPL
39	LLPEDDTRDNV	1001	CDH3
40	LLTPLNLQI	286887, 3852, 3853, 3854	KRT6C, KRT5, KRT6A, KRT6B
41	RLNGEGVGQVNISV	3853, 3854	KRT6A, KRT6B
42	ALYTSGHLL	5653	KLK6
43	AVLGKLYV	9903	KLHL21
44	GLGDDSFPI	2125	EVPL
45	GLIEWLENTV	5591	PRKDC
46	GLISSIEAQL	3860	KRT13
47	QLLEGELETL	5493	PPL
48	YLLDYPNNL	26057	ANKRD17
49	YLWEAHTNI	729830	FAM160A1
50	ALSNVVKV	5268	SERPINB5
51	FLIPSIIFA	150696	PROM2
52	LLFTGLVSGV	284434	NWD1

[0048]

53	RLVEVGGDVQL	3963, 653499	LGALS7, LGALS7B
54	RLSGEGVGPV	3852	KRT5
55	VLNVGVAEV	285848	PNPLA1
56	FLQLETEQV	64426	SUDS3
57	AILGFALSEA	516, 517, 518	ATP5G1, ATP5G2, ATP5G3
58	SLSDIQPCL	3691	ITGB4
59	YLQNEVFGL	1832	DSP
60	SLGNFKDDL	23650	TRIM29
61	FVAGYIAGV	5250	SLC25A3
62	ILSSACYTV	5317	PKP1
63	ALMDEINFMKM	3852	KRT5
64	KILEJLFVJL		未知基因
65	ALWGFPPVLL	56851	EMC7
66	TLLSEIAEL	84629	TNRC18
67	AQLNLIWQL	80381	CD276
68	KILEMDDPRA	6512	SLC1A7
69	YVMESMTYL	28976	ACAD9
70	FLFPAFLTA	2150	F2RL1
71	SLFPYVVL	55117	SLC6A15
72	SLDGNPLAV	25987	TSKU
73	YIDPYKLLPL	54433	GAR1
74	SLTSFLISL	101060198, 7851	MALL
75	ALASAPTSV	80004	ESRP2
76	ILFDEVLTFA	83666	PARP9
77	SLRAFLMPI	79901	CYBRD1
78	VLYGDVEEL	10970	CKAP4
79	GLHQDFPSVVL	51056	LAP3
80	GLYGIKDDVFL	3939	LDHA

[0049] 表2:本发明中的其他肽,之前与癌症无已知的关联。

[0050]

序列ID号	序列	基因ID	正式基因符号
81	VLAENPDIFAV	6541	SLC7A1
82	VLDINDNPPV	120114,1828,2195	FAT3,DSG1,FAT1
83	QLLQYVYNL	4173	MCM4
84	ALMAGCIQEA	1026	CDKN1A
85	QLIEKITQV	114827	FHAD1
86	SLQERQVFL	9333	TGM5
87	ALPEPSPAA	5339	PLEC
88	LMAAPSTV	7071	KLF10
89	VLDEGLTSV	25909,285116	AHCTF1,AHCTF1P1
90	TLNDGVVVQV	10146	G3BP1
91	MLFENMGAYTV	4953	ODC1

[0051] 表3:用于个性化癌症疗法的本发明肽。

[0052]

序列 ID 号	序列	基因 ID	正式基因符号
92	ILLDVKTRL	3728, 3861, 3868, 3872	JUP, KRT14, KRT16, KRT17
93	ALSNVIHKV	5268	SERPINB5
94	SIFEGLLSGV	2709	GJB5
95	SLDENSDDQV	6273	S100A2
96	FQLDPSSGVLTV	2196	FAT2
97	LILESIPVV	5597	MAPK6
98	SLYKGLLSV	25788	RAD54B
99	TASAITPSV	3852	KRT5
100	VLVSDGVHSV	1952	CELSR2
101	GLLPSAESIKL	132989	C4orf36
102	TLAELQPPVQL	157922	CAMSAP1
103	VLAEGGEGV	10630	PDPN
104	SLSPVILGV	26525	IL36RN
105	STYGGGLSV	3861, 3868	KRT14, KRT16
106	VLVDQSWVL	5655	KLK10
107	YLEEDVYQL	23255	SOGA2
108	SLYNLGGSKRISI	3852	KRT5
109	KIQEILTQV	10643	IGF2BP3
110	LLPPPPPPA	9509	ADAMTS2
111	SLAPGDVVRQV	79729	SH3D21
112	ALLDGGSEAYWRV	84985	FAM83A
113	NLMASQPQL	5317	PKP1
114	VLVPYEPQV	8626	TP63
115	VTAAAYMDTVSL	7498	XDH
116	SLWPSPEQL	90480	GADD45GIP1
117	GLAFSLYQA	871	SERPINH1
118	TLLQEQTGKTV	286887, 3852, 3853, 3854	KRT6C, KRT5, KRT6A, KRT6B
119	GLLDPSVFHV	79050	NOC4L
120	YLVAKLVEV	10277	UBE4B
121	SLYGYLRGA	9790	BMS1
122	ILDEAGVKYFL	113828	FAM83F
123	LLSGDLIFL	2709	GJB5
124	YMLDIFHEV	3038	HAS3
125	ALNPEIVSV	5277	PIGA
126	ILVDWLVEV	85417, 890, 8900	CCNB3, CCNA2, CCNA1
127	SLFGKKYIL	2274	FHL2
128	TLHRETFYL	9134	CCNE2
129	SLSGEIILHSV	121441	NEDD1
130	TLDGAAVNQV	3918	LAMC2
131	LQLDKEFQL	24140	FTSJ1
132	TLYPGRFDYV	338322	NLRP10

[0053]

133	LLLPLQILL	5650	KLK7
134	ILIGETIKI	5742, 5743	PTGS1, PTGS2
135	GLFSQHFNL	1789	DNMT3B
136	SLMEPPAVLLL	8900	CCNA1
137	GLAPFLNAV	101060689, 154761, 285966	FAM115C
138	ALLTGIISKA	23165	NUP205
139	QLGPVPVTI	285966	FAM115C
140	YLFENISQL	57115	PGLYRP4
141	FLNPDEVHAI	81610	FAM83D
142	SLVSEQLEPA	11187	PKP3
143	YVYQNNIYL	2191	FAP
144	KISTITPQI	996	CDC27
145	LLYGKYVSV	84065	TMEM222
146	GLLEELVTV	642475	MROH6
147	ILMDPSPEYA	1786	DNMT1
148	LLFDAPDLRL	55561	CDC42BPG
149	VLLNINGIDL	222484	LNK2
150	ILAEPIYIRV	55655	NLRP2
151	QLCDLNAEL	3833	KIFC1
152	SLWQDIPDV	128272	ARHGEF19
153	VLFLGKLLV	204962	SLC44A5
154	KMWEELPEVV	622	BDH1
155	GLLDNPELRV	26263	FBXO22
156	ALINDILGELVKL	85463	ZC3H12C

[0054] 本发明还一般涉及本发明的肽在治疗增殖性疾病中的用途,增殖性疾病为例如,急性骨髓性白血病、乳腺癌、胆管癌、脑癌、慢性淋巴细胞白血病、结直肠癌、食管癌、胆管癌、胃癌、肝细胞癌、黑色素瘤、非霍奇金淋巴瘤、非小细胞肺癌、卵巢癌、胰腺癌、前列腺癌、肾细胞癌、小细胞肺癌、膀胱癌和子宫癌。

[0055] 特别优选的是本发明的肽(单独或组合),其选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91。更优选的是所述肽(单独或组合)选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:31(见表1)并且用于免疫治疗如示下面的表4A所示,其中本发明的许多肽也发现于其他肿瘤中,因此也可用于其他适应症的免疫治疗。另请参阅图1和实施例1。

[0056] 如示下面的表4A所示,其中本发明的许多肽也发现于其他肿瘤中,因此也可用于其他适应症的免疫治疗。另请参阅图1和实施例1。

[0057] 表4A:本发明的肽及其在其他增殖性疾病(特别是其他癌性疾病)中的特定用途。该表显示,对于其他肿瘤类型的选定肽,发现他们过量提呈于5%以上测定的肿瘤样本,或提呈于5%以上测定的肿瘤样本且几何学平均值肿瘤与正常组织的比值大于3。过度提呈定义为与最高提呈的正常样本相比在肿瘤样本上提呈更高。经测试相比过度提呈的正常组织有:脂肪组织、肾上腺、胆管、血细胞、血管、骨髓、脑、食道、眼、胆囊、心脏、肾、大肠、肝、肺、淋巴结、神经、胰腺、甲状旁腺、腹膜、垂体、胸膜、唾液腺、骨骼肌、皮肤、小肠、脾、胃、甲状腺、气管、输尿管、膀胱。

[0058]

序列 ID 号	序列	其他相关器官/疾病
1	GLAGGFGGPGFPV	胆囊癌、胆管癌
2	PVCPGGIQEV	NSCLC、SCLC
3	SLYGLGGSKRISI	食管癌、膀胱癌
4	ILDINDNPPV	BRCA、食管癌、膀胱癌
7	ALEEANADLEV	食管癌、膀胱癌
8	AQLNIGNVLPV	黑色素瘤、食管癌
9	STASAITPSV	黑色素瘤
10	TLWPATPPKA	胆囊癌、胆管癌
11	VLFSSPPVI	黑色素瘤
15	SMLNNIINL	膀胱癌
16	ALKDSVQRA	AML、BRCA、黑色素瘤、食管癌、膀胱癌、子宫癌
17	SIWPALTQV	SCLC、AML、BRCA、黑色素瘤、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
18	YLYPDL SRL	脑癌
19	ALAKLLPLL	食管癌、膀胱癌、子宫癌
20	YLINEIDRIRA	NSCLC、膀胱癌
21	FLHEPFSSV	膀胱癌
23	SLPESGLLSV	食管癌
24	LLIAINPQV	AML、膀胱癌
27	YLAEPQWAV	食管癌、膀胱癌
29	RLLPDLDEV	AML
31	HLATVKLLV	膀胱癌、子宫癌
32	IQDAEGAIHEV	NHL、黑色素瘤、食管癌、膀胱癌
37	ILLEDVFQL	胆囊癌、胆管癌
39	LLPEDDTRDNV	BRCA、食管癌、膀胱癌
41	RLNGEGVGQVNISV	食管癌
42	ALYTSGHLL	食管癌、胆囊癌、胆管癌
43	AVLGKLYV	CLL、NHL、AML、黑色素瘤、子宫癌
45	GLIEWLENTV	SCLC、OC、膀胱癌
46	GLISSIEAQL	食管癌、膀胱癌、子宫癌
47	QLLEGELETL	膀胱癌、子宫癌
48	YLLDYPNNL	NHL、BRCA、黑色素瘤、食管癌、膀胱癌、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
49	YLWEAHTNI	食管癌、子宫癌
50	ALSNVVHKV	GC、BRCA、食管癌、膀胱癌
51	FLIPSIIFA	膀胱癌、子宫癌

[0059]

序列 ID 号	序列	其他相关器官/疾病
52	LLFTGLVSGV	食管癌
53	RLVEVGGDVQL	食管癌、膀胱癌
54	RLSGEGVGPV	食管癌
56	FLQLETEQV	BRCA、黑色素瘤、膀胱癌、子宫癌
57	AILGFALSEA	AML、BRCA、黑色素瘤、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
58	SLSDIQPCL	脑癌、BRCA、食管癌、膀胱癌、子宫癌
59	YLQNEVFGL	SCLC、NHL
60	SLGNFKDDL	NHL、食管癌、膀胱癌
61	FVAGYIAGV	NSCLC、SCLC、RCC、脑癌、GC、CLL、NHL、食管癌、胆囊癌、胆管癌
62	ILSSACYTV	RCC、BRCA、食管癌
63	ALMDEINFMKM	NSCLC、SCLC、NHL
64	KILEJLFVJL	NSCLC、膀胱癌、胆囊癌、胆管癌
65	ALWGFFPVLL	CLL、黑色素瘤
66	TLLSEIAEL	CLL、NHL、AML、黑色素瘤、OC、子宫癌
67	AQLNLIWQL	SCLC、黑色素瘤、OC、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
69	YVMESMTYL	膀胱癌、胆囊癌、胆管癌
70	FLFPAFLTA	AML、胆囊癌、胆管癌
71	SLFPYVVL	黑色素瘤
72	SLDGNPLAV	食管癌、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
73	YIDPYKLLPL	CLL、NHL、AML、黑色素瘤
74	SLTSFLISL	膀胱癌
75	ALASAPTSV	BRCA、食管癌、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
76	ILFDEVLTFA	CLL、NHL、AML、BRCA、子宫癌、胆囊癌、胆管癌
77	SLRAFLMPI	AML
78	VLYGDVEEL	CLL、膀胱癌、胆囊癌、胆管癌
79	GLHQDFPSVVL	NHL、BRCA、子宫癌
81	VLAENPDIFAV	SCLC、MCC、黑色素瘤、膀胱癌
82	VLDINDNPPV	黑色素瘤
83	QLLQYVYNL	SCLC、NHL、AML、子宫癌
85	QLIEKITQV	SCLC、NHL、黑色素瘤、膀胱癌、胆囊癌、胆管癌
86	SLQERQVFL	NHL、膀胱癌
87	ALPEPSPAA	RCC、NHL、黑色素瘤、胆囊癌、胆管癌
88	LMAPAPSTV	脑癌、食管癌、膀胱癌
89	VLDEGLTSV	SCLC、RCC、CLL、NHL、BRCA、黑色素瘤、膀胱癌、子宫癌
90	TLNDGVVVQV	RCC、CLL、NHL、食管癌、膀胱癌、子宫癌

[0060]	序列 ID 号	序列	其他相关器官/疾病
	91	MLFENMGAYTV	SCLC、CLL、NHL、子宫癌

[0061] NSCLC=非小细胞肺癌, SCLC=小细胞肺癌, RCC=肾癌, CRC=结肠或直肠癌, GC=胃癌, HCC=肝癌, PC=胰腺癌, PrC=前列腺癌, 白血病, BRCA=乳腺癌, OC=卵巢癌, MCC=梅克尔细胞癌, NHL=非霍奇金淋巴瘤, AML=急性骨髓性白血病, CLL=慢性淋巴细胞白血病

[0062] 表4B: 本发明的肽及其在其他增殖性疾病(特别是其他癌性疾病)中的特定用途。该表显示, 对于其他肿瘤类型的选定肽, 发现他们过量提呈(特定提呈)于5%以上测定的肿瘤样本, 或提呈于5%以上测定的肿瘤样本且几何学平均值肿瘤与正常组织的比值大于3。过度提呈定义为与最高提呈的正常样本相比在肿瘤样本上提呈更高。经测试相比过度提呈的正常组织有: 脂肪组织、肾上腺、动脉、骨髓、脑、中枢神经、结肠、十二指肠、食道、眼、胆囊、心脏、肾、肝、肺、淋巴结、血细胞、胰腺、甲状旁腺、外周神经、腹膜、垂体、胸膜、直肠、唾液腺、骨骼肌、皮肤、小肠、脾、胃、胸腺、甲状腺、气管、输尿管、膀胱、静脉。

[0063]	序列ID号	序列	其他实体
	2	PVCPGGIQEV	食管癌
	6	ALYDAELSQM	食管癌
	8	AQLNIGNVLPV	膀胱癌
	9	STASAITPSV	食管癌
	16	ALKDSVQRA	HCC
	43	AVLGGKLYV	RCC、GC、HCC
	45	GLIEWLENTV	HCC
	47	QLLEGELETL	OC
	50	ALSNVVHKV	NSCLC
	51	FLIPSIIFA	OC
	56	FLQLETEQV	OC
	57	AILGFALSEA	HCC
	60	SLGNFKDDL	NSCLC
	61	FVAGYIAGV	HCC
	65	ALWGFFPVLL	HCC
	66	TLLSEIAEL	HCC
	73	YIDPYKLLPL	BRCA、膀胱癌
	75	ALASAPTSV	HCC
	88	LMAAPSTV	黑色素瘤
	89	VLDEGLTSV	GC

[0064] NSCLC=非小细胞肺癌, HCC=肝癌, BRCA=乳腺癌, RCC=肾细胞癌, GC=胃癌, OC=卵巢癌。

[0065] 因此, 本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO: 1、10、17、37、42、48、57、61、67、69、70、72、75、76、78和87中任一项的本发明的至少一种肽在胆囊癌和/或胆管癌的治疗(在

一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0066] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:2、20、50、60、61、63和64中任一项的本发明至少一种肽在NSCLC的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0067] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:2、17、45、59、61、63、67、81、83、85、89和91中任一项的本发明至少一种肽在SCLC的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0068] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:2、3、4、6、7、8、9、16、19、23、27、32、39、41、42、46、48、49、50、52、53、54、58、60、61、62、72、75、88和90中任一项的本发明至少一种肽在食管癌的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0069] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:3、4、7、8、15、16、19、20、21、24、27、31、32、39、45、46、47、48、50、51、53、56、58、60、64、69、73、74、78、81、85、86、88、89和90中任一项的本发明至少一种肽在膀胱癌的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0070] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:4、16、17、39、48、50、56、57、58、62、73、75、76、79和89中任一项的本发明至少一种肽在BRCA的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0071] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:8、9、11、16、17、32、43、48、56、57、65、66、67、71、73、81、82、85、87、88和89中任一项的本发明至少一种肽在黑色素瘤的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0072] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:16、17、24、29、43、57、66、70、73、76、77和83中任一项的本发明至少一种肽在AML的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0073] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:16、17、19、31、43、46、47、48、49、51、56、57、58、66、67、72、75、76、79、83、89、90和91中任一项的本发明至少一种肽在子宫癌的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0074] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:18、58、61和88中任一项的本发明至少一种肽在脑癌的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0075] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:32、43、48、59、60、61、63、66、73、76、79、83、85、86、87、89、90和91中任一项的本发明至少一种肽在NHL的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0076] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:43、61、65、66、73、76、78、89、90和91中任一项的本发明至少一种肽在CLL的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0077] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:45、47、51、56、66和67中任一项的本发明至少一种肽在OC的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0078] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:43、50、89和61中任一项的本发明至少一种肽在GC的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0079] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:16、43、45、57、61、65、66和75中任一项的本发明至少一种肽在HCC的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。



[0080] 因此,本发明的另一个方面涉及根据SEQ ID NO:43、61、62、87、89和90中任一项的本发明至少一种肽在RCC的治疗(在一个优选实施方式中为联合疗法)中的用途。

[0081] 因此,本发明的另一个方面涉及本发明中肽在选自头颈鳞状细胞癌、急性骨髓性白血病、乳腺癌、胆管癌、脑癌、慢性淋巴细胞性白血病、结直肠癌、食管癌、胆囊癌、胃癌、肝细胞癌、黑色素瘤、非霍奇金淋巴瘤、非小细胞肺癌、卵巢癌、胰腺癌、前列腺癌、肾细胞癌、小细胞肺癌、膀胱癌、子宫癌中的增殖性疾病的治疗(优选联合疗法)中的用途。

[0082] 本发明还涉及本发明的肽,其具有与主要组织相容性复合体(MHC)I或以延长形式存在的例如长度变化的MHC-II类分子结合的能力。

[0083] 本发明进一步涉及本发明中的肽,其中所述肽(每种肽)由或基本由根据SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的氨基酸序列组成。

[0084] 本发明进一步涉及本发明的肽,其中所述肽被修饰和/或包含非肽键。

[0085] 本发明进一步涉及本发明的肽,其中所述肽为融合蛋白的一部分,特别是与HLA-DR抗原相关不变链(Ii)的N-端氨基酸融合,或与抗体(例如,树突状细胞特定抗体)融合,或融合到抗体的序列中。

[0086] 本发明进一步涉及一种能表达和/或表达本发明核酸的表达载体。

[0087] 本发明进一步涉及本发明的肽、本发明的核酸或本发明的表达载体在药物中的用途,特别是用于治疗癌症。

[0088] 本发明进一步涉及本发明中肽或本发明中所述肽复合体(含有MHC)的特异性抗体以及制造这些抗体的方法。

[0089] 本发明进一步涉及本发明的T细胞受体(TCR),特别是可溶性TCR(sTCRs)和加工为自体或异体T细胞的克隆TCR,以及制造这些TCR的方法,还涉及载有所述TCR或与所述TCR交叉反应的NK细胞的制造方法。

[0090] 抗体和TCR是本发明现有肽的免疫治疗用途的另外实施方案。

[0091] 本发明进一步涉及含本发明核酸或表达载体的宿主细胞。本发明进一步涉及本发明的宿主细胞,其为抗原提呈细胞,优选为树突细胞。

[0092] 本发明进一步涉及制备本发明肽的一种方法,所述方法包括培养本发明的宿主细胞,以及从所述宿主细胞或其培养基中分离肽。

[0093] 本发明进一步涉及本发明中的方法,其中通过使足量的抗原与抗原提呈细胞接触,抗原被载在表达于合适抗原提呈细胞或人工抗原呈递细胞表面的I或II类MHC分子上。

[0094] 本发明进一步涉及本发明的方法,其中抗原提呈细胞由能表达含SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91、优选为含SEQ ID NO:1至SEQ ID No:31或其变体氨基酸序列的肽的表达载体。

[0095] 本发明进一步涉及以本发明方法制造的激活的T细胞,其中所述T细胞有选择性地识别一种细胞,该细胞表达含本发明氨基酸序列的多肽。

[0096] 本发明进一步涉及一种杀伤患者靶细胞的方法,其中患者的靶细胞异常地表达含本发明任意氨基酸序列的多肽,该方法包括对患者施用本发明方法制造的有效量T细胞。

[0097] 本发明进一步涉及任何所述肽、本发明的核酸、本发明的表达载体、本发明的细胞、本发明的激活的T淋巴细胞、T细胞受体或抗体或其他肽-和/或肽-MHC结合分子作为药物或在药物制备中的用途。所述药物优选为具有抗癌活性。

[0098] 优选情况为,所述药物为基于可溶性TCR或抗体的细胞治疗药物、疫苗或蛋白质。

[0099] 本发明进一步涉及本发明中的用途,其中所述癌细胞为头颈鳞状细胞癌、急性骨髓性白血病、乳腺癌、胆管癌、脑癌、慢性淋巴细胞性白血病、结直肠癌、食管癌、胆囊癌、胃癌、肝细胞癌、黑色素瘤、非霍奇金淋巴瘤、非小细胞肺癌、卵巢癌、胰腺癌、前列腺癌、肾细胞癌、小细胞肺癌、膀胱癌、子宫癌细胞,优选头颈鳞状细胞癌细胞。

[0100] 本发明进一步涉及一种基于本发明肽的生物标志物,在此称为“靶标”,其可用于诊断癌症,优选为头颈鳞状细胞癌。所述标志物可以是肽本身的过度提呈,或相应基因的过度表达。标志物也可以用于预测治疗成功的可能性,优选为免疫疗法,最优选为靶向由该生物标志物识别的相同靶的免疫疗法。例如,抗体或可溶性TCR可用于对肿瘤切片进行染色以检测是否存在与MHC复合的相关肽。

[0101] 任选地,抗体具有进一步的效应子功能,如免疫刺激域或毒素。

[0102] 本发明还涉及这些新靶点在癌症治疗中的用途。

### 具体实施方式

[0103] ALOX12B参与终末皮肤分化和表皮屏障功能(Furstenberger et al.,2007;Epp et al.,2007)。ALOX12B是癌症中扩增的免疫抑制因子(Rooney et al.,2015)。顺铂诱导且ATM磷酸化(p)- $\delta$ Np63 $\alpha$ 。随后,它上调miR-185-5p,其下调let7-5p,导致在鳞状细胞癌中ALOX12B表达调节(Ratovitski,2013)。ALOX12B与乳腺癌和肺癌风险有关(Lee et al.,2009;Shen et al.,2009)。

[0104] ANKRD17mRNA水平在结直肠癌中广泛下调,并使该蛋白成为用于结直肠癌检测的多靶标测定组的潜在标志物(Ioana et al.,2010)。通过细胞周期蛋白E/Cdk2磷酸化ANKRD17,该蛋白参与细胞周期调控。过量表达促进进入S期,而表达耗竭抑制DNA复制、阻断细胞周期进程并且上调肿瘤抑制基因p53和p21的表达(Deng et al.,2009)。

[0105] ATP5G1富含于胃癌的氧化磷酸化途径(Song et al.,2016)。头颈鳞状细胞癌中ATP5G1表达降低(Koc et al.,2015)。肝脏再生增强因子(ALR)的敲减导致小鼠脂肪肝和肝细胞癌加速发展。此外,在ALR敲减小鼠中ATP5G1表达降低(Gandhi et al.,2015)。

[0106] 与低中级别肿瘤相比,ATP5G2在高级别膀胱癌肿瘤中甲基化程度更高(Kitchen et al.,2016)。RIZ1是一种肿瘤抑制因子,其耗竭导致ATP5G2表达的改变(Xie et al.,2016b)。TP5G2在雌激素和孕酮治疗子宫内膜石川癌细胞系后高度表达(Tamm-Rosenstein et al.,2013)。ATP5G2启动子在原发性肾细胞癌中甲基化(Morris et al.,2011)。

[0107] ATP5G3富含于胃癌的氧化磷酸化途径(Song et al.,2016)。ATP5G3在PPAR $\alpha$ 启动时上调,该启动与肿瘤进展负相关、抑制细胞迁移(Huang and Chang,2016)。ATP5G3可能是一种辐射敏感性基因(Tsui et al.,2005)。

[0108] BTBD11编码BTB结构域含11蛋白,并位于染色体12q23.3上(RefSeq,2002)。BTBD11在乳头状甲状腺癌中差异表达(Qu et al.,2016)。BTBD11是TGF- $\beta$ 靶基因(Sawada et al.,2016)。BTBD11在胃癌中突变(Leiserson et al.,2015;Leiserson et al.,2016)。

[0109] 吸烟与非吸烟肺腺癌患者之间CD276的预后关系不同。CD276高表达与吸烟有关(Inamura et al.,2017)。CD276在前列腺癌中高甲基化(Wang et al.,2016b)。CD276受miR-124调节,后者在骨肉瘤中下调。TGF- $\beta$ 1通过SMAD 3和4信号传导上调miR-155,导致

CEBPB抑制miR-143减弱,这导致CD276的积累。CD276受miR-187调节,后者在结直肠癌中下调(Wang et al.,2016e;Trojandt et al.,2016;Zhou et al.,2016;Wang et al.,2016a)。CD276通过影响SREBP-1/FASN信号传导介导肺癌异常脂质代谢。可溶性CD276通过TLR4/NF- $\kappa$ B信号介导胰腺癌侵袭和转移(Xie et al.,2016a;Luo et al.,2016)。CD276是一种免疫检查点,可能是癌症治疗中有希望的靶点。其可在肿瘤生长期间被靶向作用,抑制抗肿瘤免疫性,从而使新出现的肿瘤出现免疫逃逸(Leung and Suh,2014;Swatler and Kozłowska,2016;Janakiram et al.,2016)。CD276由大多数高危神经母细胞瘤表达,在肿瘤血管系统中过度表达,并在肿瘤生存和侵袭中起重要作用(Bottino et al.,2014)。CD276敲减增加化学敏感性并降低转移可能性。CD276敲减导致凋亡标志物表达和STAT3磷酸化增加。黄芪甲苷静脉内注射治疗通过抑制非小细胞肺癌细胞中的CD276从而降低细胞生长并增加对顺铂的化学敏感性(Nygren et al.,2011;He et al.,2016)。CD276在食管癌、乳腺癌、胆囊癌、前列腺癌和卵巢癌中过度表达(Barach et al.,2011;Janakiram et al.,2012;Fauci et al.,2012;Chen et al.,2016;Liu et al.,2016)。CD276过度表达与不良生存、预后和肿瘤分级相关。CD276可促进癌症侵袭和进展。但是,CD276也可能具有抗肿瘤作用。CD276高表达是非小细胞肺癌中淋巴结转移和晚期TNM分期的一项指标(Yi and Chen,2009;Loos et al.,2010;Nygren et al.,2011;Fauci et al.,2012;Wang et al.,2014a;Ye et al.,2016;Benzon et al.,2016;Wu et al.,2016)。CD276下调自然杀伤细胞的细胞毒性,支持癌症免疫逃逸(Bottino et al.,2014)。

[0110] CDH23编码钙黏蛋白相关23蛋白,其是钙黏素超家族的成员,其基因编码钙依赖性细胞黏附糖蛋白。编码的蛋白质被认为参与了毛细管结构和毛束形成。该基因位于包含人耳聋基因座DFNB12和USH1D的区域中。Usher征候群1D和非征候群常染色体遗传性耳聋DFNB12由该钙黏蛋白样基因的等位基因突变引起。该基因的上调也可能与乳腺癌相关(RefSeq,2002)。TMPRSS3是乳腺癌不良预后因子,可与CDH23相互作用(Rui et al.,2015)。CDH23在ER $\alpha$ 表达乳腺癌细胞中的瘦蛋白处理后上调(Binai et al.,2013)。CDH23在乳腺癌中上调,可能参与早期转移(Apostolopoulou and Ligon,2012)。在胰腺癌细胞系中可观察到CDH23缺失(Suzuki et al.,2008)。

[0111] CDH3参与致癌信号传导并启动整合素、受体酪氨酸激酶、小分子GTP酶、EMT转录因子和其他钙黏蛋白家族成员。CDH3信号传导诱导侵袭和转移(Albergaria et al.,2011;Paredes et al.,2012;Bryan,2015;Vieira and Paredes,2015)。CDH3的致癌活化参与胃癌发生(Resende et al.,2011)。CDH3过度表达促进乳腺癌、膀胱癌、卵巢癌、前列腺癌、子宫内膜癌、皮肤癌、胃癌、胰腺癌和结肠癌(Albergaria et al.,2011;Paredes et al.,2007;Bryan and Tselepis,2010;Reyes et al.,2013;Vieira and Paredes,2015)。CDH3是在基底样乳腺癌中表达的基底上皮标志物。BRCA1癌的特征在于基底标志物如CDH3的表达,并显示出高级别、高度增殖、ER阴性和HER3阴性表型(Honrado et al.,2006;Palacios et al.,2008;Rastelli et al.,2010;Dewar et al.,2011)。CDH3是黑色素瘤和口腔鳞状细胞癌中的肿瘤抑制因子(Haass et al.,2005;Vieira and Paredes,2015)。CDH3可用作EMT标志物。在肿瘤形成和进展过程中,E-钙黏蛋白转化为N-钙黏蛋白和CDH3表达(Piura et al.,2005;Bonitsis et al.,2006;Bryan and Tselepis,2010;Ribeiro and Paredes,2014)。CDH3和 $\beta$ -连环蛋白之间的竞争性相互作用导致胃癌中细胞间相互作用和转移受损

(Moskvina and Mal'kov, 2010)。CDH3可能是结肠癌中癌症形成的早期标志物(Alrawi et al., 2006)。CDH3的失调是预后不良和恶化程度增加的标志物(Knudsen and Wheelock, 2005)。

[0112] CLCA2过度表达下调 $\beta$ -连环蛋白和 $\beta$ -连环蛋白启动基因(Ramena et al., 2016)。CLCA2与EVA1强烈相互作用,EVA1也可被p53和p63诱导、通常在引起EMT的乳腺癌中下调,并且对上皮分化非常重要。两种蛋白质与E-钙黏蛋白相互作用(Ramena et al., 2016)。成年急性骨髓性白血病中存在AML1-CLCA2和RUNX1-CLCA2基因融合产物(Giguere and Hebert, 2010; Jiang et al., 2013)。DNA损伤后,CLCA2可被p73、p53和p63诱导,并充当增殖的抑制剂(Walia et al., 2009; Sasaki et al., 2012; Yu et al., 2013; Ramena et al., 2016)。CLCA2表达在肺腺癌患者的循环肿瘤细胞中升高,检测量增加与患者生存期缩短有关(Hayes et al., 2006; Man et al., 2014)。与腺癌相比,CLCA2在肺鳞状细胞癌中表达较高,与组织学肿瘤分级相关。CLCA2表达可用于检测非小细胞肺癌和小细胞肺癌(Hayes et al., 2006; Shinmura et al., 2014)。CLCA2敲减导致上皮细胞间质转化、癌细胞迁移和侵袭。在正常条件下,CLCA 2被认为可通过抑制FAK信号通路来抑制迁移和侵袭。CLCA2介导与 $\beta$ (4)整合素相关的肺转移(Abdel-Ghany et al., 2001; Walia et al., 2012; Sasaki et al., 2012; Ramena et al., 2016)。CLCA2由于启动子高甲基化而在乳腺癌中下调,在结直肠癌中下调。CLCA2在膀胱癌和黑色素瘤转移期间差异表达。在套细胞淋巴瘤中存在CLCA2拷贝数损失(Gruber and Pauli, 1999; Bustin et al., 2001; Li et al., 2004; Balakrishnan et al., 2006; Riker et al., 2008; Walia et al., 2012; Matin et al., 2014; Ramena et al., 2016)。

[0113] DSG1在角化囊性牙源性肿瘤中过度表达,并且在口腔上皮内肿瘤中表达率高(Aizawa et al., 2014; Heikinheimo et al., 2015)。DSG1表达在棘层松解性鳞状细胞癌中丢失,在软骨肉瘤、口腔鳞状细胞癌和肺癌中表达下降(Xin et al., 2014; Saaber et al., 2015; Galoian et al., 2015; Jurcic et al., 2015)。DSG1表达受GRHL1调控,并且用标准化学皮肤癌方案治疗的GRHL1阴性小鼠发生较少的乳头状瘤,但发生更多的鳞状细胞癌(Mlacki et al., 2014)。DSG1是Rhoda和GEF Bcr的下游靶标,是一种角质细胞分化标志物(Dubash et al., 2013)。KLK5裂解可能与口腔鳞状细胞癌转移灶形成有关的DSG1。DSG1水平降低可能与胰腺癌侵袭有关(Ramani et al., 2008; Jiang et al., 2011)。DSG1染色阴性与肛门癌特异性存活改善有关,阳性染色与肿瘤体积大和淋巴结转移相关。DSG1的损失与头颈鳞状细胞癌的预后不良有关(Wong et al., 2008; Myklebust et al., 2012)。对抗DSG1的自身抗体可以在副肿瘤性天疱疮中检测到(Seishima et al., 2004)。

[0114] 食管鳞状细胞癌中DSG3表达被证明与组织学分级高度相关,对食管鳞状细胞癌的生存期有影响,DSG3表达阴性表示生存较差。因此,DSG3可能参与食管鳞状细胞癌的进展,并可作为一种预后标志物(Fang et al., 2014)。在原发性肺肿瘤中,DSG3和DSG2较高表达显示与鳞状细胞肺癌的诊断相关,而DSG3的较低表达显示与肿瘤级别较高显著相关。因此,DSG3可作为鳞状细胞肺癌的潜在诊断标志物和肺癌的潜在分化标志物(Saaber et al., 2015)。DSG3被描述为是一种在切除胰腺导管腺癌中的阴性预后生物标志物,因为DSG3高表达与总体生存率差和肿瘤特异性生存率差相关。因此,DSG3及其下游信号通路可能是表达DSG3的胰腺导管腺癌中可能的治疗靶点(Ormanns et al., 2015)。

[0115] DSP表达下降与几种癌症(包括乳腺癌、肺癌和宫颈癌)的肿瘤进展相关(Schmitt-Graeff et al.,2007;Davies et al.,1999;Yang et al.,2012b)。DSP的表达通过抑制Wnt/ $\beta$ -连环蛋白信号通路而显著抑制肺癌细胞的细胞增殖、锚定非依赖性生长、迁移和侵袭(Yang et al.,2012b)。

[0116] DST可能与乳腺癌转移有关(Sun et al.,2006)。针对DST的自身抗体可在淋巴细胞性白血病和滤泡性淋巴瘤中发现到(Aisa et al.,2005;Taintor et al.,2007)。在鼻咽癌中,DST在5-8F细胞(高致瘤和转移能力)中相较于6-10B细胞(具备致瘤能力但无转移能力)上调(Fang et al.,2005)。DST在头颈鳞状细胞癌中高表达(Lin et al.,2004)。在副肿瘤性天疱疮中存在针对DST的自身抗体,这与肿瘤相关(Yong and Tey,2013;Wang et al.,2005;Preis and Karpati,2007;Zhu and Zhang,2007)。前列腺癌中的DST表达与疾病进展呈强烈负相关(Vanaja et al.,2003)。抗DST自身抗体是黑色素瘤诊断的一个有前景的标志物(Shimbo et al.,2010)。DST可发现于恶病质癌症患者的尿液(Skipworth et al.,2010)。DST在肺腺癌和鳞状细胞癌中差异表达(McDoniels-Silvers et al.,2002)。DST明显上调,伴随浸润性细胞生长(Herold-Mende et al.,2001)。

[0117] EMC7编码ER膜蛋白复合物亚基7,位于染色体15q14上(RefSeq,2002)。EMC7可能是癌症中新型的药物靶标和诊断生物标志物(Delgado et al.,2014)。在平阳霉素抑制舌鳞状细胞癌细胞系中,EMC7下调(Zheng et al.,2010)。

[0118] ESRP2编码上皮细胞型特异性剪接调节因子(RefSeq,2002)。ESRP2抑制不同癌症类型(包括肺癌和乳腺癌细胞)的癌细胞运动。ESRP2在侵袭性前缘被TGF- $\beta$ 下调,导致上皮-间质转化相关转录因子的表达增加(Gemmill et al.,2011;Horiguchi et al.,2012;Ishii et al.,2014)。

[0119] F2RL1的PH结构域结合基序中的突变足以降低乳腺肿瘤生长(Bar-Shavit et al.,2016)。F2RL1在胃癌中过度表达,与患者的总体生存率呈负相关(Sedda et al.,2014)。胰蛋白酶是由肥大细胞释放的血管生成的介质,其活化F2RL1,导致癌细胞增殖、侵袭和转移(Marech et al.,2014;Ammendola et al.,2014)。F2RL1受癌症中差异表达和突变的基因影响(D'Asti et al.,2014)。F2RL1参与癌症进展、侵袭和转移(Wojtukiewicz et al.,2015;Canto et al.,2012;Lima and Monteiro,2013;Gieseler et al.,2013)。F2RL1在腺癌、黑色素瘤、骨肉瘤、成胶质细胞瘤、脑膜瘤、白血病和鳞状细胞癌中表达(Elste and Petersen,2010)。F2RL1调节作为TGF- $\beta$ 1型受体ALK5的表达。F2RL1启动MAP激酶(Oikonomopoulou et al.,2010;Witte et al.,2016)。组织因子和整合素的上调介导促进转移的F2RL1信号传导(Kasthuri et al.,2009;Ruf et al.,2011;Kocaturk and Versteeg,2012;Ruf,2012;Kocaturk and Versteeg,2013)。胰蛋白酶和PAR2形成促进增殖、侵袭和转移的自分泌环。胰蛋白酶刺激可能通过表皮生长因子受体的MMP-和PAR2-依赖性启动导致MAPK-ERK通路启动(Soreide et al.,2006)。

[0120] FAM160A1编码具有序列相似性160成员A1的家族,并且位于染色体4q31.3上(RefSeq,2002)。DAM131与前列腺癌雌激素相关受体 $\beta$ 结合后,FAM160A1表达发生改变(Lu et al.,2015b)。前列腺癌中存在NF $\kappa$ B-FAM160A1基因融合产物(Teles,I et al.,2015)。与良性肿瘤相比,FAM160A1在卵巢癌中上调(Li et al.,2012a)。FAM160A1缺失可在家族性和早期发病的乳腺癌中发现(Krepischi et al.,2012)。FAM160A1在结直肠癌中下调(Li et

al.,2012b)。

[0121] FANCE与食管鳞状细胞癌风险相关(Li et al.,2013)。罕见的FANCE下调可在头颈鳞状细胞癌中观察到(Wreesmann et al.,2007)。Chk1介导了DNA交联后的FANCE的磷酸化(Wang et al.,2007)。家族性结直肠癌显示杂合基因型FANCE。范康尼氏贫血症DNA损伤修复可能与结直肠癌的遗传性体质有关。得失位突变可能参与遗传性食管鳞状细胞癌。在一个乳腺癌家族中发现了FANCE的错义变体(Akbari et al.,2011;Seal et al.,2003;Esteban-Jurado et al.,2016)。FANCE参与顺铂敏感性的调节(Taniguchi et al.,2003)。

[0122] FAT1被描述为在头颈鳞状细胞癌中明显突变,在宫颈腺癌、膀胱癌、早期T细胞前体急性淋巴细胞白血病、氟达拉滨难治慢性淋巴细胞性白血病、胶质母细胞瘤和结直肠癌中频繁突变,在食管鳞状细胞癌中突变(Gao et al.,2014;Neumann et al.,2013;Morris et al.,2013;Messina et al.,2014;Mountzios et al.,2014;Cazier et al.,2014;Chung et al.,2015)。FAT1被描述为在口腔癌中被压抑,在浸润性乳腺癌中优先下调(Katoh,2012)。FAT1被描述为在白血病中上调,其与前B急性淋巴细胞白血病的不良预后相关(Katoh,2012)。FAT1被证明在胰腺癌和肝细胞癌中上调(Valletta et al.,2014;Wojtalewicz et al.,2014)。FAT1被描述可通过河马信号传导的启动来抑制肿瘤生长,并通过肌动蛋白聚合诱导来促进肿瘤转移(Katoh,2012)。FAT1被证明是皮肤鳞状细胞癌的一种候选癌症驱动基因(Pickering et al.,2014)。FAT1被描述为与Wnt信号传导和肿瘤发生相关的一种肿瘤抑制因子(Morris et al.,2013)。

[0123] FAT3显示,当雄激素受体沉寂后,在紫杉醇耐药卵巢癌细胞系中下调,导致在这些细胞系中对紫杉醇敏感增加。因此,FAT3可能是与紫杉醇抗性相关的候选基因(Sun et al.,2015b)。FAT3被证明在食管鳞状细胞癌中突变,导致河马信号传导途径的失调(Gao et al.,2014)。FAT3被证明在早期T细胞前体急性淋巴细胞白血病中周期性突变(Neumann et al.,2013)。FAT3被描述为一种具有脑膜瘤特定特征的基因,因此,与这种亚型的良性脑膜瘤肿瘤发生有关(Fevre-Montange et al.,2009)。FAT3被描述为一种肿瘤抑制因子,对发育不良细胞的肺癌发展有抑制作用(Rohrbeck and Borlak,2009)。

[0124] FHAD1在参与氧化应激反应的NFE2敲减后下调(Williams et al.,2016)。FHAD1的CpG甲基化可用作转移性致死性前列腺癌的生物标志物(Zhao et al.,2017)。FHAD1在食管鳞状细胞癌中下调,并可能有助于促进顺铂化学耐药(Tsutsui et al.,2015)。FHAD1可能是乳腺癌的肿瘤抑制基因(Iorns et al.,2012)。

[0125] G3BP1编码G3BP应激颗粒装配因子1,其是DNA解链酶之一,其优选部分解链的3'末端底物,并且还可以以ATP依赖方式解链部分RNA/DNA和RNA/RNA双链体(RefSeq,2002)。G3BP1可用作HER2+乳腺癌药物反应的生物标志物(Chien et al.,2016)。miR-193a-3p,其在体外和体内抑制肺癌的进展和转移,下调G3BP1(Deng et al.,2015)。G3BP1是白藜芦醇的直接靶标。G3BP1的耗竭减少白藜芦醇诱导的p53表达和细胞凋亡。G3BP1是通过与USP10(p53特异性去泛素化酶)相互作用的p53负调节因子(Oi et al.,2015)。G3BP1由MYCN募集到MYCN的启动子区域以调节其表达。G3BP1负调节PMP22以增加乳腺癌的增殖(Winslow et al.,2013;Vadie et al.,2015)。G3BP1可能是由癌症识别肽和促凋亡肽组成的双功能肽的靶点(Meschenmoser et al.,2013)。晚期口腔鳞状细胞癌对G3BP1敲减敏感,导致凋亡增加(Xu et al.,2013)。G3BP1在乳腺癌、口腔鳞状细胞癌、结肠癌、胰腺癌、肝细胞癌和胃

癌中上调,并与患者预后、肿瘤大小、血管浸润、T分类、淋巴结转移、TNM分期及总体生存率降低有关(Lo et al.,2012;Winslow et al.,2013;Min et al.,2015;Dou et al.,2016)。Y-盒结合蛋白1与G3BP1mRNA的5'UTR结合以调节G3BP1应激颗粒成核剂应用于颗粒组装的可用性。YB-1或G3BP1的下调导致应激颗粒形成和肿瘤侵袭下降(Ward et al.,2011;Annibaldi et al.,2011;Somasekharan et al.,2015)。G3BP1控制H<sup>+</sup>-ATP酶的活性和 $\beta$ -F1-ATP酶mRNA的翻译(Willers and Cuezva,2011)。G3BP1与电离辐射前后的早幼粒细胞白血细胞核体共定位(Liu et al.,2010)。表没食子儿茶素没食子酸酯是绿茶的主要化合物,通过与G3BP1结合抑制肺部肿瘤发生。G3BP1表达受洛伐他汀影响(Klawitter et al.,2010;Shim et al.,2010)。G3BP1通过上调Slug参与癌细胞生长、凋亡、运动、迁移、侵袭和转移。G3BP1的敲减可降低Slug表达,增加上皮标志物E-钙黏蛋白。乳腺癌中G3BP1的上调通过Smad信号通路启动上皮-间质转化。G3BP1参与Ras和NF- $\kappa$ B信号传导、泛素蛋白酶体途径和RNA加工(French et al.,2002;Zhang et al.,2015;Dou et al.,2016)。G3BP1强迫表达促进肝细胞癌细胞迁移(Dou et al.,2016)。

[0126] GAR1能启动p53(Zhang et al.,2012)。GAR1参与端粒酶复合物(Zhu et al.,2004;Rashid et al.,2006;Tomlinson et al.,2008;Pigullo et al.,2009;Low and Tergaonkar,2013;Heidenreich et al.,2014)。GAR1对细胞活力很重要(Lubben et al.,1995)。

[0127] ITGB4与前列腺癌、胃癌、乳腺癌、口腔鳞状细胞癌和卵巢癌相关,并且被证明在胰腺导管腺癌中上调(Chen et al.,2014;Xin et al.,2014;Zubor et al.,2015;Masugi et al.,2015;Gao et al.,2015;Kawakami et al.,2015)。ITGB4(也称为CD104)往往与 $\alpha$ 6亚基关联,并可能在几种浸润性癌症的生物学中发挥重要作用,如食管鳞状细胞癌、膀胱癌和卵巢癌(Kwon et al.,2013;Pereira et al.,2014;Chen et al.,2014)。ITGB4单核苷酸多态性似乎影响肿瘤的侵袭性和存活,并可能对乳腺癌患者具有预后价值(Brendle et al.,2008)。

[0128] KDM5B编码蛋白JARID1B,这是一种赖氨酸特异性组蛋白去甲基化酶,其能够通过使组蛋白H3的赖氨酸4去甲基化来抑制某些肿瘤抑制基因(RefSeq,2002)。作为表观遗传因子,KDM5B通过抑制p53表达为人OSCC、头颈鳞状细胞癌(HNSCC)、乳腺癌和肺癌的增殖、迁移和侵袭提供支持(Shen et al.,2015;Tang et al.,2015a;Zhao and Liu,2015;Lin et al.,2015)。另外,称为JARID1B的KDM5B通过PTEN/AKT信号转导在各种肿瘤类型中促进转移上皮-间质转化(Tang et al.,2015a)。

[0129] KLHL21在肝细胞癌中上调,可用作生物临床标志物(Shi et al.,2016)。KLHL21是IKK $\beta$ 的负调节因子。KLHL21表达在促炎症刺激后在巨噬细胞中下调。KLHL21过度表达抑制IKK $\beta$ 启动和I $\kappa$ B $\alpha$ 降解(Mei et al.,2016)。KLHL21被异常基因融合转录因子ASPSCR1-TFE3过度表达,ASPSCR1-TFE3在两个不同的实体:肺泡软组织肉瘤和肾细胞癌中发现(Kobos et al.,2013)。KLHL21可能参与癌症发生(Martinez et al.,2010)。KLHL21是细胞分裂所必需的,并且调节染色体乘客复合体在细胞分裂后期从染色体转移到主轴中区。它与基于Cullin3的E3泛素连接酶相互作用,并直接与Aurora B结合,导致其泛素化(Maerki et al.,2009)。KLHL21通过靶向作用于IKK $\beta$ 来负调节TNF $\alpha$ 启动的NF- $\kappa$ B信号传导(Mei et al.,2016)。

[0130] KLK6编码激肽释放酶相关肽酶6,其是肽酶S1家族丝氨酸蛋白酶的激肽释放酶亚族的成员。越来越多的证据表明,许多激肽释放酶涉及致癌作用,一些有可能成为癌症和其他疾病的新型生物标志物。这种蛋白酶的表达受类固醇激素调节,并且可能在多种人类癌症和来自银屑病患者血清中升高。编码的蛋白酶可能参与淀粉样蛋白前体蛋白和 $\alpha$ -突触核蛋白的裂解,从而分别将这种蛋白酶牵涉到阿尔茨海默氏症和帕金森病中。该基因位于染色体19上的基因簇(RefSeq,2002)。KLK6可被p53诱导,其表达增加胃癌的自噬作用和耐药性(Kim et al.,2016)。KLK6下调与GNA13表达增加有关,其与良性乳腺肿瘤的侵袭性相关(Teo et al.,2016)。KLK6能够上调和下调几种可能影响细胞周期、MYC、MAPK和其他信号通路的miRNA(Sidiropoulos et al.,2016)。KLK6属于与转移性结直肠癌中帕尼单抗耐药相关的状况(Barry et al.,2016)。KLK6与脊髓损伤、肿瘤细胞转移和 $\alpha$ 突触核蛋白聚集疾病(如帕金森病)后发生的轴突生长调节相关(Xi et al.,2015)。KLK6在高侵袭性PC3前列腺癌和卵巢癌中过度表达,在宫颈癌前期病变中失调(Tamir et al.,2014;Hwang and Lindholm,2015)。KLK6可用作多种实体(包括肝细胞癌、乳腺癌、结肠癌、胃肠癌和星形细胞瘤)的生物标志物(Vakrakou et al.,2014;Yu et al.,2015b;Grin et al.,2015;Schrader et al.,2015;Drucker et al.,2015;Mange et al.,2016)。KLK6与晚期浆液性卵巢癌的总生存率相关,其表达可能与其他临床参数相关(Kolin et al.,2014;Dorn et al.,2015;Yang et al.,2016a;Leung et al.,2016;Ahmed et al.,2016)。

[0131] CD34在头颈鳞状细胞癌中的表达与细胞周期进程相关,其敲减上调KRT1表达(Ettl et al.,2016)。在桔梗皂苷D治疗后,KRT1在HepG2细胞中下调(Lu et al.,2015a)。来自鲍温病浅表侵袭性癌的透明细胞灶的免疫组织化学染色检测显示KRT1阴性(Misago et al.,2016)。miR-944通过上调p53和削弱ERK信号传导诱导KRT1表达(Kim et al.,2015)。KRT1表达在早期和晚期鳞状细胞癌中上调(Tang et al.,2015b)。核降解下调KRT1表达(Naeem et al.,2015)。KRT1表达可能是分化状态的标志物。其可与NMP-52和AFP表达一起用于检测肝细胞癌(Attallah et al.,2015;Bruna et al.,2017)。KRT1在二十二碳六烯酸治疗后上调,已知其可降低乳腺癌侵袭(Blanckaert et al.,2015)。来自甲细胞癌的增殖嗜碱性细胞未能表达KRT1(Wang et al.,2015a)。KRT1的上调与Notch1受体刺激间接相关(Vliet-Gregg et al.,2015)。S100A7下调KRT1(Li et al.,2015)。KRT1的表达与口腔鳞状细胞癌中p21和hsp70的表达有关。KRT1缺失与Klf4缺乏相关,Klf4是抑制细胞增殖并促进分化的转录因子(Paparella et al.,2015;Frohwitter et al.,2016)。

[0132] KRT13编码作为角蛋白基因家族成员的角蛋白13。维他命D改变KRT13表达(Narayanan,2006)。CK13的免疫染色在黏液表皮样癌的表皮样组分中呈阳性,在管状腺瘤和下颌腺产生的溶瘤癌中呈阴性(Muramatsu et al.,2003;Matsuzaka et al.,2004;do Prado et al.,2007)。 $\alpha 6\beta 4$ 整合素的异常表达上调KRT13,这是皮肤鳞状细胞癌发展的早期事件(Tennenbaum et al.,1996)。KRT13可用作宫颈上皮内瘤变的生物标志物。KRT13损失是肿瘤分级和转移性尿路上皮细胞癌分期的标志物。KRT13表达是皮肤癌进展的标志物(Slaga et al.,1995;Southgate et al.,1999;Duggan,2002;Baak et al.,2006)。KRT13表达在口腔癌干细胞和口腔鳞状细胞癌中下调(Morgan and Su,1994;Sinha et al.,2013)。

[0133] KRT14在各种鳞状细胞癌(如食管癌、肺癌、喉癌、宫颈癌)以及腺瘤牙源性肿瘤中



高度表达。但是,在膀胱小细胞癌中不存在,在肺腺癌、胃腺癌、结直肠腺癌、肝细胞癌、胰腺导管腺癌、乳腺浸润性导管癌、甲状腺乳头状癌和子宫内膜样腺癌中较弱(Xue et al., 2010; Terada, 2012; Vasca et al., 2014; Hammam et al., 2014; Shruthi et al., 2014)。在膀胱癌中,KRT14表达与较差生存期强烈相关(Volkmer et al., 2012)。

[0134] MCF-7乳腺癌细胞长时间暴露于乙醇会上调KRT15,这是一种恶性肿瘤相关基因(Gelfand et al., 2017)。具有侵袭性生长的基底细胞癌显示KRT15阴性表达(Ziari et al., 2015)。KRT15可用于区分螺旋腺瘤和圆柱瘤(Sellheyer, 2015)。KRT15在膀胱癌发生中依次上调(Chuang et al., 2014)。在皮肤癌中下调的SIRT2抑制作为上皮干细胞标志物的KRT15表达(Wang et al., 2014b)。KRT15是一种毛囊干细胞标志物(Bongiovanni et al., 2014; Koba et al., 2015; Narisawa et al., 2015)。与良性眼表面鳞状肿瘤相比,KRT15是在恶性肿瘤中更强烈地表达的一种未分化基底细胞标志物(Nagata et al., 2014)。球形体选定的表皮鳞状细胞癌具有丰富的KRT15表达(Adhikary et al., 2013)。KRT15在尿路上皮癌中上调(Tai et al., 2013)。与头颈部肿瘤相关的光化性角化病的KRT15染色在7%的病例中和36%的腺样囊性癌中呈阳性。与硬皮病形式基底细胞癌和微囊性附件癌相比,结缔组织增生性毛发上皮瘤的染色较高(Sabeti et al., 2013; Evangelista and North, 2015; North et al., 2015; Solus et al., 2016)。KRT15上调影响非小细胞肺癌的总生存期,可用作NSCLC鉴别诊断的标志物(Gomez-Morales et al., 2013; Boyero et al., 2013)。KRT15受p53和ER调节(Lion et al., 2013)。

[0135] KRT16过度表达发现于基底样乳腺癌细胞系以及原位癌中。其他人未发现非复发性成釉细胞瘤和复发性成釉细胞瘤之间KRT16免疫组化表达的显著差异(Joosse et al., 2012; Ida-Yonemochi et al., 2012; Safadi et al., 2016)。此外,硅片分析表明了转移性乳腺癌中KRT16表达与较短无复发生存之间相关(Joosse et al., 2012)。

[0136] KRT5被证明年轻女性的乳腺癌中上调(Johnson et al., 2015)。KRT5被证明与年轻女性乳腺癌的较差无病生存以及激素受体阳性乳腺癌绝经前患者的临床结果相关(Johnson et al., 2015; Sato et al., 2014)。KRT5被证明通过乳腺癌细胞系HCC1937和T47D中的肿瘤抑制因子BRCA1调节(Gorski et al., 2010)。KRT5被证明在恶性胸膜间皮瘤中失调(Melaiu et al., 2015)。KRT5被描述为恶性间皮瘤的诊断性间皮标志物(Arif and Husain, 2015)。KRT5被证明与子宫内膜癌进展有关(Zhao et al., 2013)。KRT5被证明在疣状癌患者的浸润性肿瘤区域下调(Schumann et al., 2012)。KRT5被证明属于四个蛋白质系列的一部分,与正常组织样本相比,其在结直肠癌活检物中差异表达(Yang et al., 2012a)。KRT5和四个蛋白系列的其他三个蛋白被描述为新型标志物以及结直肠癌治疗的潜在靶标(Yang et al., 2012a)。KRT5被描述为与基底细胞癌有关(Depianto et al., 2010)。KRT5被描述为确定尿路上皮癌干细胞的候选基因(Hatina and Schulz, 2012)。

[0137] KRT6A被描述为七基因特征的一部分,可以用作预后模型来预测手术后接受辅助化疗的三阴性乳腺癌患者的远期无复发生存(Park et al., 2015b)。KRT6A被证明在瘤牛角癌中和胃癌中上调(El-Rifai et al., 2002; Koringa et al., 2013)。KRT6A显示在两例具有外骨骼黏液样软组织肉瘤形态学和免疫组织化学特征的外阴肉瘤中下调(Dotlic et al., 2014)。KRT6A表达显示在口腔鳞状细胞癌中改变(Chanthammachatt et al., 2013)。KRT6A显示与伤口修复期间原癌基因Src激酶活性的负调节和皮肤角质形成细胞的迁移潜能有关。

这在癌症等相关背景下可能很重要 (Rotty and Coulombe, 2012)。KRT6A 显示标记可产生类似于人类正常样乳腺癌的独特乳腺肿瘤模型的乳腺双电位祖细胞 (Bu et al., 2011)。KRT6A 被描述为 25 基因转录网络特征的重要组成部分, 可用于区分肺腺癌和鳞状细胞癌 (Chang et al., 2011)。

[0138] KRT6B 被证明是在食管癌细胞系 KYSE170 中下调基因的候选物 (Kan et al., 2006)。KRT6B 被证明在肾细胞癌、散发性牙源性角化囊性瘤和瘤牛角癌中上调 (Koringa et al., 2013; Hu et al., 2015; Heikinheimo et al., 2007)。KRT6B 功能丧失显示抑制 notch1 的表达, 并诱导体外肾细胞癌细胞死亡。因此, KRT6B 与 notch1 的相互作用被描述为促进肾细胞癌进展 (Hu et al., 2015)。KRT6B 被描述为基底样乳腺癌相关细胞角蛋白, 其表达在细胞系 HCC1187 和 HCC70 中基底样样肿瘤相关 GABRP 表达降低后减少 (Sizemore et al., 2014)。ERK1/2 选择性抑制还被证明可导致基底样细胞角蛋白 (如 KRT6B) 的表达降低, 并且在基底样乳腺癌中迁移降低 (Sizemore et al., 2014)。因此, GABRP-ERK1/2-细胞角蛋白轴参与维持基底样乳腺癌的迁移表型 (Sizemore et al., 2014)。KRT6B 显示与伤口修复期间原癌基因 Src 激酶活性的负调节和皮肤角质形成细胞的迁移潜能有关。这在癌症等相关背景下可能很重要 (Rotty and Coulombe, 2012)。KRT6B 被描述为 25 基因转录网络特征的重要组成部分, 可用于区分肺腺癌和鳞状细胞癌 (Chang et al., 2011)。KRT6B 被证明在苯并 (a) 芘诱导人永生化口腔上皮细胞的肿瘤发生期间差异性表达 (Li et al., 2008)。

[0139] KRT6C 被描述为 25 基因转录网络特征的重要组成部分, 可用于区分肺腺癌和鳞状细胞癌 (Chang et al., 2011)。

[0140] KRT75 编码角蛋白 75, 其是染色体 12 长臂上聚集的 II 型角蛋白家族的成员。编码的蛋白质在头发和指甲形成中起重要作用。该基因的变异与假性毛囊炎 (PFB) 和毛发松动征候群 (LAHS) 等毛发疾病有关 (RefSeq, 2002)。与亲本细胞系相比, KRT75 在体内传代和再衍生的前列腺细胞系中下调 (Sivanathan et al., 2014)。KRT75 在甲母质瘤中表达, 可能表明对甲床和甲峡有分化作用 (Perrin et al., 2011)。KRT75 在 21T 乳腺细胞中下调 (Xu et al., 2010)。蛋白酶体抑制剂和地塞米松可改变 KRT75 的表达 (Kinyamu et al., 2008)。

[0141] LAP3 的抑制被证明可通过 fascin 和 MMP-2/9 的下调导致卵巢癌细胞系 ES-2 中侵袭抑制。因此, LAP3 可以充当潜在的抗转移治疗靶标 (Wang et al., 2015b)。LAP3 的高表达被证明与恶性肿瘤的分级和胶质瘤患者的预后不良相关 (He et al., 2015)。LAP3 被证明可通过调节细胞生长、迁移和侵袭而促进神经胶质瘤的进展, 因而可能是一个新的预测因子 (He et al., 2015)。在高微卫星不稳定性的胃癌和结直肠癌中检测到涉及氨基酸代谢的基因 (包括 LAP3) 的移码突变 (Oh et al., 2014)。LAP3 被证明在肝细胞癌、食管鳞状细胞癌和前列腺癌中上调 (Zhang et al., 2014a; Tian et al., 2014; Lexander et al., 2005)。LAP3 被证明通过调节细胞周期和晚期细胞迁移的 G1/S 期检查点, 以促进肝癌细胞增殖 (Tian et al., 2014)。LAP3 的表达进一步显示与肝细胞癌的预后和恶性发展相关 (Tian et al., 2014)。食管鳞状细胞癌细胞系 ECA109 中 LAP3 的沉寂被证明可降低细胞增殖和集落形成, 而 LAP3 敲减导致细胞周期停滞 (Zhang et al., 2014a)。食管鳞状细胞癌细胞系 TE1 中 LAP3 过度表达被证明有利于细胞增殖和侵袭 (Zhang et al., 2014a)。因此, LAP3 被证明在食管鳞状细胞癌的恶性发展中发挥作用 (Zhang et al., 2014a)。

[0142] 高水平的 LGALS7 与癌症浸润性、生长和转移增加的乳腺癌的侵袭性表型相关

(Grosset et al., 2016)。LGALS7在结直肠癌患者血清中差异表达,而CRC肿瘤免疫组织化学染色中LGALS7呈阴性(Lim et al., 2016)。LGALS7在前列腺癌、宫颈癌和外阴鳞状细胞癌中下调,并与晚期临床分期、分化程度差和区域淋巴结转移相关。再次表达导致凋亡增加。启动子甲基化增加与VSCC的晚期临床分期、分化程度差和区域淋巴结转移相关(Labrie et al., 2015; Jiang et al., 2015; Higareda-Almaraz et al., 2016)。细胞质表达的LGALS7抑制p53并增加乳腺癌的化学耐药性(Grosset et al., 2014)。LGALS7在正常卵巢组织中不表达而在上皮性卵巢癌中表达。表达在高级别和转移性肿瘤中更为常见,与总生存相关。LGALS7表达由突变型p53诱导(Kim et al., 2013; Labrie et al., 2014)。LGALS7可用作转移性皮肤黑色素瘤的生物标志物。它也与头颈鳞状细胞癌和基底细胞癌的临床参数相关(Timar et al., 2010; Cada et al., 2009)。LGALS7与乳腺癌发病率有关(Tang et al., 2008)。LGALS7表达可以由p53诱导并能够促凋亡(Ueda et al., 2004)。

[0143] LGALS7B能增强HER2阳性乳腺癌的侵袭性(Grosset et al., 2016)。LGALS7B调节参与凋亡、组织形态发生、代谢、转运、趋化因子活性和免疫应答的分子(Higareda-Almaraz et al., 2016)。LGALS7B在宫颈癌中下调。与低Gal-1表达相关的高LGALS7B表达与更好的预后相关(Higareda-Almaraz et al., 2016)。LGALS7B在外阴鳞状细胞癌中高甲基化(Jiang et al., 2015)。前列腺癌中LGALS7B再表达增强对依托泊苷和顺铂的化学敏感性(Labrie et al., 2015)。LGALS7B在外阴鳞状细胞癌、前列腺癌和结直肠癌中下调。LGALS7B下调与晚期临床分期、肿瘤分化不良和区域淋巴结转移有关(Labrie et al., 2015; Lim et al., 2016; Jiang et al., 2015)。细胞因子LGALS7B抑制dox诱导的PARP-1裂解,导致抑制p53启动并降低乳腺癌中的p21和CDKN1A表达(Grosset et al., 2014)。LGALS7B上调细胞凋亡并抑制IL-2和IFN- $\gamma$ 表达(Yamaguchi et al., 2013)。LGALS7B在卵巢癌中过度表达,与较大年龄、高死亡率、肿瘤体积增加和生存差相关(Kim et al., 2013; Labrie et al., 2014)。LGALS7B的免疫组织化学染色可用于区分唾液腺肿瘤类型(Remmelink et al., 2011)。LGALS7B在头颈部基底细胞癌中下调。在头颈鳞状细胞癌中, LGALS7B显示不同的表达模式,并且不同的表达水平与角质化和分化相关(Cada et al., 2009)。

[0144] MALL可用于分类肺癌亚型(Watanabe et al., 2010)。MALL可能是前列腺癌中的转移抑制基因(Yi et al., 2009)。MALL mRNA和蛋白表达在结肠癌患者中降低,与血管浸润、疾病复发、转移或死亡有关。MALL损失与总生存率和无病生存率下降有关。MALL过度表达抑制细胞增殖且抑制细胞系中的迁移(Fan et al., 2011; Kim et al., 2008a; Wang et al., 2016c)。MALL可在前列腺癌细胞系分泌的前列腺体上发现,其与小窝蛋白1相互作用(Llorente et al., 2004)。MALL在非小细胞肺癌和宫颈鳞状细胞癌中下调。它在胶质瘤细胞中差异表达(Ai et al., 2003; Hattta et al., 2004; Kettunen et al., 2004)。

[0145] MCM4表达与上调的碳酸酐IX相关,碳酸酐IX是一种跨膜糖蛋白,其与几种实体(包括食管癌)的生存和癌症进展有关(Huber et al., 2015)。Has-miR-615-3p可能通过调节MCM4牵涉鼻咽癌(Chen et al., 2015)。MCM4可能在膀胱癌发展中发挥作用(Zekri et al., 2015)。p53获取功能的突变增加MCM4在乳腺癌中的表达(Polotskaia et al., 2015)。MCM4在人类皮肤癌中有突变,显示降低DNA解旋酶的活性降低(Ishimi and Irie, 2015)。MCM4过度表达只与乳腺癌较短生存弱相关。MCM复合体所有六个部分的过度表达与较短生存强烈相关(Kwok et al., 2015)。MCM4在肺腺癌和喉鳞状细胞癌中差异表达(Lian et al., 2013;

Zhang et al., 2014b)。MCM4在宫颈癌中显著过度表达(Das et al., 2013; Das et al., 2015)。MCM4可用作结直肠癌的一种生物标志物(Fijneman et al., 2012)。

[0146] 抗酶抑制剂抑制ODC1的泛素非依赖性降解, 导致多胺形成加速, 引发胃癌、乳腺癌、肝细胞癌和食管鳞状细胞癌的发展(Qiu et al., 2016)。吡罗昔康抑制参与非黑色素瘤皮肤癌发生的ODC1依赖性多胺产生(Campione et al., 2015)。ODC1调节对细胞分裂调控、分化、成熟和凋亡重要的腐胺(Ramani et al., 2014; Zdrojewicz and Lachowski, 2014)。ODC1是Myc和MYCN靶基因, ODC1高表达与神经母细胞瘤的无事件生存降低有关(Funakoshi-Tago, 2012; Saletta et al., 2014)。阻断ODC1可用于结直肠癌的化学预防治疗(Zhou et al., 2012)。

[0147] PARP9(也称为ARTD9)编码聚(ADP-核糖)聚合酶家族成员9, 位于染色体3q21.1上(RefSeq, 2002)。DTX3L与ARTD8和PARP9形成复合体, 通过抑制肿瘤抑制因子IRF1, 促进转移性前列腺癌细胞的增殖、化学耐药性和存活(Bachmann et al., 2014)。PARP9抑制弥漫性大B细胞淋巴瘤中的IFN- $\gamma$ -STAT1-IRF1-p53信号传导并启动原癌基因IRF2和BCL-6的表达。这导致DLBCL的增殖、存活和化学耐药性(Camicia et al., 2013)。PARP9表达为IFN- $\gamma$ 诱导型(Juszczynski et al., 2006)。PARP9可能是弥漫性大B细胞淋巴瘤中的药物靶点。PARP9是高危化学耐药性DLBCL中的致癌存活因子(Bachmann et al., 2014; Aguiar et al., 2005; Camicia et al., 2015)。

[0148] PKP1被证明在前列腺癌和食管腺癌中下调(Kaz et al., 2012; Yang et al., 2015)。非肿瘤、前列腺BPH-1细胞系中PKP1的敲减导致细胞凋亡减少和基因(如, 前列腺癌相关SPOCK1基因)差异表达(Yang et al., 2015)。总体来说, PKP1和SPOCK1表达改变似乎是前列腺癌中的频繁和严重事件, 表明PKP1具有肿瘤抑制功能(Yang et al., 2015)。PKP1表达下降被证明与口腔鳞状细胞癌中显著更短的至远处转移发生时间有关(Harris et al., 2015)。通过启动子甲基化导致的PKP1损失被描述为与Barrett食管进展为食管腺癌相关(Kaz et al., 2012)。PKP1被证明在非小细胞肺癌中上调, 可能是区分鳞状细胞癌样本的良好标志物(Sanchez-Palencia et al., 2011)。PKP1被证明在分化良好的脂肪肉瘤细胞系GOT3中上调(Persson et al., 2008)。PKP1表达下降被描述为可促进头颈鳞状细胞癌的活动性增加(Sobolik-Delmaire et al., 2007)。PKP1损失被证明与宫颈癌发生有关(Schmitt-Graeff et al., 2007)。PKP1被证明与口咽鳞状细胞癌患者的局部复发或转移以及不良预后有关(Papagerakis et al., 2003)。

[0149] PLEC在结直肠腺癌、头颈鳞状细胞癌和胰腺癌中过度表达(Lee et al., 2004; Katada et al., 2012; Bausch et al., 2011)。

[0150] 周斑蛋白在T24CDDPR膀胱癌细胞中降低(Taoka et al., 2015)。与健康组织相比, 膀胱癌的PPL染色较低。PPL损失与病理分期和存活有关(Matsumoto et al., 2014)。PPL与上皮样肿瘤细胞相关(Kohn et al., 2014)。EVPL、周斑蛋白和外皮蛋白阴性小鼠显示皮肤癌抗性表型(Cipolat et al., 2014; Natsuga et al., 2015; Natsuga et al., 2016)。PPL在三阴性乳腺癌中高度表达(Choi et al., 2013)。周斑蛋白由于超甲基化在食管鳞状细胞癌中下调。ESCC中PPL敲减与细胞移动和附着减少有关(Otsubo et al., 2015; Tonoike et al., 2011)。副肿瘤性天疱疮显示具有对抗PPL的自身抗体(Yong and Tey, 2013; Li et al., 2009; Probst et al., 2009; Zimmermann et al., 2010)。

[0151] PRKDC是子宫内膜异位症相关卵巢癌和乳腺癌中常见的突变基因(Er et al., 2016;Wheler et al.,2015)。在结直肠癌中,与正常组织相比,PRKDC在癌组织中上调。PRKDC高表达的患者表现出较差的总生存期(Sun et al.,2016)。

[0152] PRNP编码膜糖基磷脂酰肌醇锚定的糖蛋白,其往往聚集成棒状结构并且包含五个八肽的串联重复序列的高度不稳定区域。重复区域以及该基因其他区域的突变与各种朊病毒疾病有关。该基因已经发现有重迭开放阅读框,其编码较小的、结构不相关的蛋白质AltPrp(RefSeq,2002)。虽然其生理作用尚未完全确定,但PRNP参与神经干细胞的自我更新、多能基因表达、增殖和分化。PNRP在包括胶质母细胞瘤、乳腺癌、前列腺癌和结直肠癌的人肿瘤中起作用(Yang et al.,2016b;Corsaro et al.,2016)。在结直肠癌中,PRNP已被证明可促进上皮-间质转化(Du et al.,2013)。PNRP与MGr1-Ag/37LRP联合的过度表达可预测胃癌预后差(Zhou et al.,2014)。PNRP表达与细胞的氧化还原状态有关,可能参与抗氧化防御。PNRP沉默被证明可使癌细胞对乳腺癌和结肠癌的抗癌药物敏感(Sauer et al.,1999;Meslin et al.,2007;Park et al.,2015a;Yun et al.,2016)。

[0153] PROM2在肺腺癌中特异性上调(Bao et al.,2016)。PROM2在弹力纤维瘤和人前列腺癌中表达。PROM2在低侵袭性前列腺癌中表达较高,在高侵袭性前列腺癌中表达较低(Yamazaki,2007;Zhang et al.,2002)。PROM2在结肠癌中下调(Deng et al.,2013)。PROM2表达可用于区分肾嫌色细胞癌和肿瘤细胞瘤(Rohan et al.,2006)。

[0154] RIPK4被证明在皮肤鳞状细胞癌中下调(Poligone et al.,2015)。RIPK4与舌鳞癌细胞系TCA-8113的迁移和侵袭,弥漫性大B细胞淋巴瘤的生存期以及宫颈鳞状细胞癌总体生存、无病生存、进展和不良预后相关(Wang et al.,2014c;Liu et al.,2015;Kim et al.,2008b)。RIPK4与家族性胰腺癌相关(Lucito et al.,2007)。RIPK4可能是宫颈鳞状细胞癌的一个潜在的诊断性和独立的预后标志物,是舌癌预后和治疗的生物标志物(Wang et al.,2014c;Liu et al.,2015)。

[0155] RNASE7表达在皮肤癌中逐渐降低(Scola et al.,2012)。RNASE7表达受几种致白血病蛋白酪氨酸激酶的影响(Pierce et al.,2008)。

[0156] RPL8表达可受MYC诱导的核抗原和核仁蛋白66的影响(Chowdhury et al.,2014)。RPL8可能参与骨肉瘤发生(Sun et al.,2015a;Yang andZhang,2013)。RPL8受MYC启动的NO-66调节(Ge et al.,2012)。RPL8突变与Diamond-Blackfan贫血有关(Gazda et al.,2012)。RPL8表达可能与化疗反应有关(Salas et al.,2009)。RPL8在肝细胞癌中失调(Liu et al.,2007)。在黑色素瘤中可发现RPL8的MHCII依赖性表达(Swoboda et al.,2007)。

[0157] SERPINB5是很多癌症类型(包括乳腺癌、肺癌、头颈癌、口腔癌和前列腺癌)诊断一个有价值的分子标志物和预后的预测因子(Marioni et al.,2009;Lonardo et al.,2010;Sager et al.,1996;Sheng,2004)。SERPINB5充当HDAC1活性的内源性调节剂,并与p53肿瘤抑制途径相互作用(Maass et al.,2000;Kaplun et al.,2012)。

[0158] SLC25A3在慢性骨髓性白血病中去调节(Oehler et al.,2009)。SLC25A3的耗竭可消除对BAX的应激诱导线粒体靶向作用(Buttner et al.,2011)。

[0159] 在紫杉醇诱导的神经性疼痛大鼠中SLC6A11表达降低,这是在用紫杉醇治疗的癌症患者中可观察到的现象(Yadav et al.,2015)。ALA及其甲酯MAL是用于皮肤癌光动力治

疗的前药。它们的摄取由SLC6A11介导(Novak et al.,2011;Schulten et al.,2012;Baglo et al.,2013)。用丙戊酸钠长期治疗胶质瘤细胞减少SLC6A11mRNA的表达(Gao et al.,2003)。

[0160] SLC6A15被超甲基化从而在结直肠癌中下调,可能是基于粪便测定法的候选生物标志物(Kim et al.,2011;Mitchell et al.,2014)。

[0161] SLC7A1在急性骨髓性白血病原始细胞中组成性表达。这些原始细胞在精氨酸循环途径酶中缺乏,导致精氨酸积累和细胞增殖和存活(Mussai et al.,2015)。SLC7A1在结直肠癌中过度表达,导致精氨酸积累和细胞生长。13号染色体基因过度表达在CRC中很常见(Camps et al.,2013;Lu et al.,2013)。SLC7A1可用作巨噬细胞分化的标志物。在诱导THP1单核细胞分化过程中其表达增加(Barilli et al.,2011)。MCF-7乳腺癌细胞系的生长依赖于L-精氨酸。它表达SLC7A1,SLC7A1敲减导致精氨酸摄取减少、细胞活力降低和凋亡增加(Abdelmagid et al.,2011)。SLC7A1表达与许多癌症中表达的血红素加氧酶-1的表达强烈相关,促进肿瘤生长和存活(Tauber et al.,2010)。SLC7A1是肝细胞特异性miR-122的直接靶标,在肝细胞癌中下调。miR-122下调导致SLC7A1上调和细胞内精氨酸水平增加。该途径也是结直肠癌衍生肝转移的重要机制(Kedde and Agami,2008;Iino et al.,2013;Kishikawa et al.,2015)。蛋白激酶C的启动导致SLC7A1内化。应激导致SLC7A1的差异性表达(Kakuda et al.,1998;Rotmann et al.,2006)。

[0162] SUDS3损失导致细胞形态改变和细胞迁移增加(Smith et al.,2012)。SUDS3参与胸腺细胞分化(Lee et al.,2012)。SUDS3可能具有抗肿瘤作用(Ramakrishna et al.,2012)。USP17对SUDS3进行去泛素化,导致SUDS3相关HDAC活性在癌症中发生改变(Ramakrishna et al.,2011)。SUDS3参与有丝分裂(Pondugula et al.,2009)。SUDS3在乳腺癌中表达(Silveira et al.,2009)。SUDS3控制染色体分离,并可与p53相互作用(David et al.,2006)。

[0163] TENM2可能涉及月经初潮的年龄。早期AAM与2型糖尿病、乳腺癌和卵巢癌以及心血管疾病相关,晚期AAM与低骨矿物质密度和心理障碍相关(Yermachenko and Dvornyk,2016)。生活在高度污染地区的肺癌患者中存在DOCK2-TENM2基因融合转录物(Yu et al.,2015a)。TENM2在大多数恶性间皮瘤细胞中表达(Ziegler et al.,2012)。TENM2在食管鳞状细胞癌中可能下调(Kan et al.,2006)。

[0164] II期结肠癌TGM5的局灶性缺失可能是该实体的驱动因素(Brosens et al.,2010)。在非小细胞肺癌中发生的TGM5突变在吸烟者和非吸烟者之间显示无差异(Yongjun Zhang et al.,2013;Broderick et al.,2009;Rafnar et al.,2011;Choi et al.,2016)。前列腺癌中TGFB3损失也下调了TGM5(Sharifi et al.,2007)。

[0165] XIRP1在基底样乳腺癌的转移癌中突变(Hoadley et al.,2016)。与ER+HER2-乳腺癌相比,三阴性乳腺癌中富含XIRP1启动子基序特征(Willis et al.,2015)。XIRP1在维他命C治疗后上调,这也降低了癌细胞的生长(Marshall et al.,2012;Nagappan et al.,2013)。XIRP1在头颈鳞状细胞癌中突变,可能是一种肿瘤抑制基因(Lee et al.,2010)。XIRP1是一种氧化应激相关基因(Baluchamy et al.,2010)。

[0166] ZBED6是IGF2的转录抑制因子,其在结直肠癌中过度表达并促进细胞增殖。ZBED6的敲减影响细胞周期,并导致RKO细胞系的细胞生长增强和HCT116细胞中细胞生长减少。

ZBED6是参与Wnt、Hippo、TGF- $\beta$ 、EGFR和PI3K信号传导的几种基因的转录抑制因子,它们都参与结直肠癌发生(Markljung et al.,2009;Andersson,2009;Andersson et al.,2010;Huang et al.,2014;Jiang et al.,2014;Clark et al.,2015;Akhtar et al.,2015)。

[0167] 是否能刺激免疫反应取决于是否存在被宿主免疫系统视为异物的抗原。发现肿瘤相关抗原的存在增加了运用宿主免疫系统干预肿瘤生长的可能性。目前,针对癌症免疫治疗,正在探索利用免疫系统的体液和细胞进行免疫的各种机制。

[0168] 细胞免疫反应的特定元素能特异性地识别和破坏肿瘤细胞。从肿瘤浸润细胞群或外周血中分离出的T-细胞表明,这些细胞在癌症的天然免疫防御中发挥了重要作用。特别是CD8阳性T细胞在这种反应中发挥重要作用,TCR<sup>+</sup>能识别通常8至10个源自蛋白或位于细胞质的缺损核糖体产物(DRIP)的氨基酸残基的主要组织相容性复合体(MHC)所载的肽中所含的I类分子。人MHC分子也称为人白细胞-抗原(HLA)。

[0169] 术语“T细胞反应”是指由一种肽在体外或体内诱导的效应子功能的特异性扩散和激活。对于MHC I类限制性细胞毒性T细胞,效应子功能可能为溶解肽脉冲的、肽前体脉冲的或天然肽提呈的靶细胞、分泌细胞因子,优选为肽诱导的干扰素- $\gamma$ ,TNF- $\alpha$ 或IL-2,分泌效应分子,优选为肽诱导的颗粒酶或穿孔素,或脱颗粒。

[0170] 本文所用“肽”这一术语,是指一系列氨基酸残基,通常通过相邻氨基酸的 $\alpha$ -氨基和羰基之间的肽键来连接。这些肽的长度优选为9个氨基酸,但至短可为8个氨基酸长度,至长可为10、11、12或13个氨基酸或更长,如果为MHC-II类肽时(本发明肽的延长变体),至长可为14、15、16、17、18、19或20个氨基酸长度或更长。

[0171] 因此,“肽”这一术语应包括一系列氨基酸残基的盐,通常通过相邻氨基酸的 $\alpha$ -氨基和羰基之间的肽键来连接。优选的情况是,盐为肽的药用盐,例如:氯化物或乙酸(三氟乙酸)盐。必须注意的是,本发明肽的盐与其体内状态的肽基本上不同,因为该不是体内的盐。

[0172] 术语“肽”应也包括“寡肽”。本文使用的术语“寡肽”是指一系列氨基酸残基,通常通过相邻氨基酸的 $\alpha$ -氨基和羰基之间的肽键来连接。寡肽的长度对于本发明来说并不十分关键,只要在寡肽中保持正确的表位即可。通常,寡肽长度约小于30个氨基酸残基,约长于15个氨基酸。

[0173] “多肽”这一术语是指一系列氨基酸残基,通常通过相邻氨基酸的 $\alpha$ -氨基和羰基之间的肽键来连接。多肽的长度对于本发明来说并不十分关键,只要保持正确的表位即可。与术语肽或寡肽相对,“多肽”这一术语是指包含多于约30个氨基酸残基的分子。

[0174] 一种肽、寡肽、蛋白质或编码该分子的核苷酸如果能诱导免疫反应,则具有“免疫原性”(因此是本发明中的一种“免疫原”)。在本发明的情况下,免疫原性的更具体定义是诱导T细胞反应的能力。因此,“免疫原”是一种能够诱导免疫反应的分子,并且在本发明的情况下,是一种能诱导T细胞反应的分子。在另一方面,所述免疫原可以是肽,肽与MHC的复合体、和/或用于提高特异性抗体或TCR抗性的蛋白。

[0175] I类T细胞“表位”要求的是一种结合至MHC I类受体上的短肽,从而形成一种三元复合体(MHC I类 $\alpha$ 链、 $\beta$ -2-微球蛋白和肽),其可以通过T细胞负载匹配T细胞受体与具有适当亲和力的MHC/肽复合物结合来识别。结合至MHC I类分子的肽的典型长度为8-14个氨基酸,最典型为9个氨基酸长度。

[0176] 在人类中,有三种编码MHC I类分子的不同基因位点(人MHC分子也是指定的人白

细胞抗原 (HLA)) : HLA-A、HLA-B 和 HLA-C。HLA-A\*01、HLA-A\*02 和 HLA-B\*07 是可从这些基因位点表达的不同 MHC I 类等位基因的实例。

[0177] 表 5: HLA-A\*02 和 HLA-A\*24 和最常见 HLA-DR 血清类型的表达频率 F。频率根据 Mori 等人 (Mori et al., 1997) 使用的 Hardy-Weinberg 公式  $F = 1 - (1 - Gf)^2$  改编, 从美国人群范围内的单体型频率中推导出。由于连锁不平衡, 某些 HLA-DR 等位基因内的 A\*02 或 A\*24 组合与其预期单一频率相比, 可能是浓缩的或频率较低。有关详细信息, 请参阅 Chanock 等人的文献 (Chanock et al., 2004)。

[0178]	等位基 因	人群	根据等位基因频率算得的显 型
--------	----------	----	-------------------



[0179]

等 位 基 因	人 群	根据等位基因频率算得的显 型
A*02	高加索人（北美）	49.1%
A*02	非裔美国人（北美）	34.1%
A*02	亚裔美国人（北美）	43.2%
A*02	拉丁美洲（北美）	48.3%
DR1	高加索人（北美）	19.4%
DR2	高加索人（北美）	28.2%
DR3	高加索人（北美）	20.6%
DR4	高加索人（北美）	30.7%
DR5	高加索人（北美）	23.3%
DR6	高加索人（北美）	26.7%
DR7	高加索人（北美）	24.8%
DR8	高加索人（北美）	5.7%
DR9	高加索人（北美）	2.1%
DR1	非裔（北）美人	13.20%
DR2	非裔（北）美人	29.80%
DR3	非裔（北）美人	24.80%
DR4	非裔（北）美人	11.10%
DR5	非裔（北）美人	31.10%
DR6	非裔（北）美人	33.70%
DR7	非裔（北）美人	19.20%
DR8	非裔（北）美人	12.10%
DR9	非裔（北）美人	5.80%
DR1	亚裔（北）美人	6.80%
DR2	亚裔（北）美人	33.80%
DR3	亚裔（北）美人	9.20%
DR4	亚裔（北）美人	28.60%
DR5	亚裔（北）美人	30.00%
DR6	亚裔（北）美人	25.10%
DR7	亚裔（北）美人	13.40%
DR8	亚裔（北）美人	12.70%
DR9	亚裔（北）美人	18.60%
DR1	拉丁裔（北）美人	15.30%

等位基因	人群	根据等位基因频率算得的显型
DR2	拉丁裔（北）美人	21.20%
DR3	拉丁裔（北）美人	15.20%
DR4	拉丁裔（北）美人	36.80%
DR5	拉丁裔（北）美人	20.00%
DR6	拉丁裔（北）美人	31.10%
DR7	拉丁裔（北）美人	20.20%
DR8	拉丁裔（北）美人	18.60%
DR9	拉丁裔（北）美人	2.10%
A*24	菲律宾人	65%
A*24	俄罗斯涅涅茨人	61%
[0180] A*24:02	日本人	59%
A*24	马来西亚人	58%
A*24:02	菲律宾人	54%
A*24	印度人	47%
A*24	韩国人	40%
A*24	斯里兰卡人	37%
A*24	中国人	32%
A*24:02	印度人	29%
A*24	澳大利亚西部人	22%
A*24	美国人	22%
A*24	俄罗斯萨马拉人	20%
A*24	南美	20%
A*24	欧洲人	18%

[0181] 本发明的肽,优选当如本文描述纳入本发明的疫苗时与A\*02结合。疫苗还可能包括泛结合MHC II类肽。因此,本发明的疫苗可用于治疗A\*02阳性患者中的癌症,但不因为这些肽的广泛结合性而必须选择II类MHC同种异型。

[0182] 如果本发明的A\*02肽与结合至另一等位基因例如A\*24的肽组合,与单独的MHC I类等位基因相比,可治疗更高比例的患者群体。虽然在大多数人群中,低于50%的患者可由单独的等位基因来解决问题,但是本发明中一种含HLA-A\*24和HLA-A\*02表位的疫苗可以治疗任何相关人群中至少60%的患者。具体来说,各区域中,以下比例的患者这些等位基因中的至少一个有肯定效果:美国61%、西欧62%、中国75%、韩国77%、日本86%(根据www.allelefrequencies.net计算)。

[0183] 在一项优选的实施方案中,术语“核苷酸序列”是指脱氧核苷酸的杂聚物。

[0184] 编码特定肽、寡肽或多肽的核苷酸序列可为天然核苷酸序列,也可合成核苷酸序列。一般来说,编码肽、多肽以及本发明蛋白的DNA片段由cDNA片段和短寡核苷酸衔接物,或一系列寡核苷酸组成,以提供一种合成基因,该基因能够在包含源自微生物或病毒操纵子的调节元素的重组转录单元中被表达。

[0185] 如本文所用的术语“肽的核苷酸编码”是指对肽进行核苷酸序列编码,其中该肽包

括与将由用于产生TCR的树突细胞或另一细胞系统所表达该序列的生物系统兼容的人工(人造)启动密码子和终止密码子。

[0186] 本文提到的核酸序列既包括单链核酸也包括双链核酸。因此,除非本文另有所指,否则,例如对于DNA,具体的序列是该序列的单链DNA、该序列与其互补序列的双工(双链DNA)以及该序列的互补序列。

[0187] “编码区”这一术语是指在基因的天然基因组环境中天然或正常编码该基因的表达产物的那部分基因,即,体内编码该基因的天然表达产物的区域。

[0188] 编码区可来自非突变(“正常”)基因、突变基因或异常基因,甚至还可以来自DNA序列,完全可在实验室中使用本领域熟知的DNA合成方法合成。

[0189] “表达产物”这一术语是指多肽或蛋白,它是基因和遗传码退化并因而编码同样的氨基酸所造成的任何核酸序列编码同等物的翻译产物。

[0190] “片段”这一术语,当指的是一种编码序列时,表示包含非完整编码区的DNA的一部分,其表达产物与完整编码区表达产物基本上具有相同的生物学功能或活性。

[0191] “DNA片段”这一术语是指一种DNA聚合物,以单独的片段形式或一种较大DNA结构的组分形式存在,它们从至少分离过一次的DNA中以基本纯净的形式获得,即不含污染性内源性材料,并且获得的数量或浓度能够使用标准生化方法,例如使用克隆载体,进行识别、操纵和回收该片段及其组分核苷酸序列。此类片段以开放阅读框架(未被内部未翻译序列打断)或内含子(通常提呈于真核基因中)的形式存在。未翻译DNA序列可能存在于开放阅读框架的下游,在那里其不会干预编码区的操纵或表达。

[0192] “引物”这一术语表示一种短核酸序列,其可与一个DNA链配对,并在DNA聚合酶开始合成脱氧核糖核酸链之处提供一个游离的3'-OH末端。

[0193] “启动子”这一术语表示参与RNA聚合酶的结合从而激活转录的DNA区域。

[0194] 术语“分离”表示一种物质从其原来的环境(例如,如果是天然发生的则是天然环境)中被移走。例如,活体动物中的天然核苷酸或多肽不是分离的,但是,从天然系统中一些或所有共存物质中分离出来的核苷酸或多肽是分离的。此类多核苷酸可能是载体的一部分和/或此类多核苷酸和多肽可能是一种组合物的一部分,并且由于该载体或组合物不是其天然环境的一部分,因此它仍然是分离的。

[0195] 本发明中披露的多核苷酸和重组或免疫原性多肽也可能以“纯化”的形式存在。术语“纯化”并非要求绝对的纯度;它只是一个相对的定义,可以包括高度纯化或部分纯化的制剂,相关领域技术人员能理解这些术语。例如,各个从已用传统方法纯化为具有电泳同构型的cDNA库中分离出的各种克隆物。明确考虑到将起始材料或天然物质纯化至少一个数量级,优选为两或三个数量级,更优选为四或五个数量级。此外,明确涵盖所述多肽的纯度优选为99.999%,或至少为99.99%或99.9%;甚而适宜为以重量计99%或更高。

[0196] 根据本发明公开的核酸和多肽表达产物,以及包含此类核酸和/或多肽的表达载体可能以“浓缩的形式”存在。本文使用的术语“浓缩”是指材料的浓度至少是其自然浓度的大约2、5、10、100或1000倍,有优势的是,按重量计为0.01%,优选为至少0.1%。也明确考虑到,按重量计约为0.5%、1%、5%、10%和20%的浓缩制剂。序列、构型、载体、克隆物以及包含本发明的其他材料可有优势地以浓缩或分离的形式存在。“活性片段”这一术语是指产生免疫反应的片段(即具有免疫原性活性),通常是一种肽、多肽或核酸序列的片段,不论是单

独或可选地与合适的佐剂一起或在载体中给予一种动物,比如哺乳动物,例如兔子或小鼠,也包括人;这种免疫反应采用的形式是在接受动物(如:人)体内刺激T细胞反应。或者,“活性片段”也可用于诱导体外T细胞反应。

[0197] 本文使用的“部分”(portion)、“节段”(segment)、“片段”(fragment)这几个术语,当与多肽相关地使用时是指残基的连续序列,比如氨基酸残基,其序列形成一个较大序列的子集。例如,如果一个多肽以任一种肽链内切肽酶(如胰蛋白酶或糜蛋白酶)进行处理,则该处理获得的寡肽会代表起始多肽的部分、节段或片段。当与多核苷酸相关地使用时,这些术语是指用任何核酸内切酶处理所述多核苷酸产生的产物。

[0198] 根据本发明,术语“等同度百分比”或“等同百分比”,如果指的是序列,则表示在待对比序列(“被对比序列”)与所述序列或权利要求的序列(“参考序列”)对准之后将被对比序列与所述序列或权利要求的序列进行比较。然后根据下列公式计算等同度百分比:等同度百分比=100[1-(C/R)]

[0199] 其中C是参考序列与被对比序列之间对准长度上参考序列与被对比序列之间的差异数量,其中

[0200] (i) 参考序列中每个碱基或氨基酸序列在被对比序列中没有对应的对准碱基或氨基酸;

[0201] (ii) 参考序列中每个空隙,以及

[0202] (iii) 参考序列中每个对准碱基或氨基酸与被对比序列中对准碱基或氨基酸不同,即构成一个差异以及

[0203] (iiii) 必须在对准序列的第1位置开始对准;

[0204] 并且R是参考序列与被对比序列对准长度上在参考序列中产生任何空隙也计算为一个碱基或氨基酸的参考序列中的碱基或氨基酸数目。

[0205] 如果“被对比序列”和“参考序列”之间存在的一个对准按上述计算的等同度百分比大致等于或大于指定的最低等同度百分比,则被对比序列与参考序列具有指定的最低等同度百分比,虽然可能存在按本文上述计算的等同度百分比低于指定等同度百分比的对准。

[0206] 因此,如上所述,本发明提出了一种肽,其包括选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的一个序列、或与SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91具有88%同源性的其变体、或诱导与该肽发生T细胞交叉反应的一个变体。本发明所述的肽具有与主要组织相容性复合体(MHC) I或所述肽延长版本的II类分子结合的能力。

[0207] 在本发明中,“同源性”一词是指两个氨基酸序列之间的同一度(参见上文的等同度百分比,如肽或多肽序列。前文所述的“同源”是通过将理想条件下调整的两个序列与待比较序列进行比对后确定的。此类序列同源性可通过使用ClustalW等算法创建一个排列而进行计算。也可用使用一般序列分析软件,更具体地说,是Vector NTI、GENETYX或由公共数据库提供的其他工具。

[0208] 本领域技术人员能评估特定肽变体诱导的T细胞是否可与该肽本身发生交叉反应(Appay et al.,2006;Colombetti et al.,2006;Fong et al.,2001;Zaremba et al.,1997)。

[0209] 发明人用给定氨基酸序列的“变体”表示,一个或两个氨基酸残基等的侧链通过被

另一个天然氨基酸残基的侧链或其他侧链取代而发生改变,这样,这种肽仍然能够以含有给定氨基酸序列(由SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91组成)的肽大致同样的方式与HLA分子结合。例如,一种肽可能被修饰以便至少维持(如没有提高)其能与HLA-A\*02或-DR等合适MHC分子的结合槽相互作用和结合,以及至少维持(如没有提高)其与激活T细胞的TCR结合的能力。

[0210] 随后,这些T细胞可与细胞和杀伤细胞发生交叉反应,这些细胞表达多肽(其中包含本发明中定义的同源肽的天然氨基酸序列)。正如科学文献和数据库(Rammensee et al.,1999;Godkin et al.,1997)中所述,HLA-A结合肽的某些位点通常为锚定残基,可形成一种与HLA结合槽的结合模序相称的核心序列,其定义由构成结合槽的多肽链的极性、电物理、疏水性和空间特性确定。因此,本领域技术人员能够通过保持已知的锚残基来修饰SEQ ID No:1至SEQ ID NO:91提出的氨基酸序列,并且能确定这些变体是否保持与MHC I或II类分子结合的能力。本发明的变体保持与激活T细胞的TCR结合的能力,随后,这些T细胞可与表达一种包含本发明定义的同源肽的天然氨基酸序列的多肽的细胞发生交叉反应并杀死该等细胞。

[0211] 如果无另有说明,那么本文公开的原始(未修饰)肽可以通过在肽链内的不同(可能为选择性)位点上取代一个或多个残基而被修饰。优选情况是,这些取代位于氨基酸链的末端。此取代可能是保守性的,例如,其中一个氨基酸被具有类似结构和特点的另一个氨基酸所取代,比如其中一个疏水性氨基酸被另一个疏水性氨基酸取代。更保守的取代是具有相同或类似的大小和化学性质的氨基酸间的取代,例如,亮氨酸被异亮氨酸取代。在天然同源蛋白质家族序列变异的研究中,某些氨基酸的取代往往比其他氨基酸更具有耐受性,这些氨基酸往往表现出与原氨基酸的大小、电荷、极性和疏水性之间的相似性相关,这是确定“保守取代”的基础。

[0212] 在本文中,保守取代定义为在以下五种基团之一的内部进行交换:基团1—小脂肪族、非极性或略具极性的残基(Ala,Ser,Thr,Pro,Gly);基团2—极性、带负电荷的残基及其酰胺(Asp,Asn,Glu,Gln);基团3—极性、带正电荷的残基(His,Arg,Lys);基团4—大脂肪族非极性残基(Met,Leu,Ile,Val,Cys)以及基团5—大芳香残基(Phe,Tyr,Trp)。

[0213] 较不保守的取代可能涉及一个氨基酸被另一个具有类似特点但在大小上有所不同的氨基酸所取代,如:丙氨酸被异亮氨酸残基取代。高度不保守的取代可能涉及一个酸性氨基酸被另一个具有极性或甚至具有碱性性质的氨基酸所取代。然而,这种“激进”取代不能认为是无效的而不予考虑,因为化学作用是不完全可预测的,激进的取代可能会带来其简单化学原理中无法预见的偶然效果。

[0214] 当然,这种取代可能涉及普通L-氨基酸之外的其他结构。因此,D-氨基酸可能被本发明的抗原肽中常见的L-氨基酸取代,也仍在本公开的范围之内。此外,非标准氨基酸(即,除了常见的天然蛋白原氨基酸)也可以用于取代之目的,以生产根据本发明的免疫原和免疫原性多肽。

[0215] 如果在一个以上位置上的取代发现导致肽的抗原活性基本上等于或大于以下定义值,则对这些取代的组合进行测试,以确定组合的取代是否产生对肽抗原性的迭加或协同效应。肽内被同时取代的位置最多不能超过4个。

[0216] 基本上由本文所指氨基酸序列组成的一种肽可能有一个或两个非锚定氨基酸(见

下面锚基序相关内容)被交换,而不存在这种情况,即相比于未修饰的肽,与人类主要组织相容性复合体(MHC)-I或II类分子的能力基本上被改变或受到不利影响。在另一实施方案中,在基本上由本文所述氨基酸序列组成的肽中,一个或两个氨基酸可与其保守交换伙伴交换(见下文),而不存在这种情况,即相比于未修饰的肽,与人类主要组织相容性复合体(MHC)-I或II类分子的能力基本上被改变或受到不利影响。

[0217] 这些基本不与T细胞受体互动的氨基酸残基可通过取代其他几乎不影响T细胞反应并不妨碍与相关MHC结合的氨基酸而得到修饰。因此,除了特定限制性条件外,本发明的肽可能为任何包括给定氨基酸序列或部分或其变体的肽(发明人所用的这个术语包括寡肽或多肽)。

[0218] 表6:根据SEQ ID NO:4、6和10的肽的变体和基序

[0219]

位置	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SEQ ID NO. 4	I	L	D	I	N	D	N	P	P	V
变体										I
										L
										A
		M								
		M								I

[0220]

		M								L
		M								A
		A								
		A								I
		A								L
		A								A
		V								
		V								I
		V								L
		V								A
		T								
		T								I
		T								L
		T								A
		Q								
		Q								I
		Q								L
		Q								A
位置	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SEQ ID NO. 6	A	L	Y	D	A	E	L	S	Q	M
变体										V
										I
										L
										A
		M								V
		M								I
		M								L
		M								A
		A								V
		A								I
		A								L
		A								A
		V								V
		V								I
		V								L
		V								A
		T								V
		T								I
		T								L
		T								A
		Q								V
		Q								I
		Q								L
		Q								A

[0221]

位置	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SEQ ID NO. 10	T	L	W	P	A	T	P	P	K	A
变体										V
										I
										L
		M								V
		M								I
		M								L
		M								
		A								V
		A								I
		A								L
		A								
		V								V
		V								I
		V								L
		V								
		T								V
		T								I
		T								L
		T								
		Q								V
		Q								I
		Q								L
		Q								

[0222] 较长(延长)的肽也可能适合。MHC I类表位(通常为8至11个氨基酸)可能由肽从较长的肽或包含实际表位的蛋白中加工而产生。两侧有实际表位的残基优选为在加工过程中几乎不影响暴露实际表位所需蛋白裂解的残基。

[0223] 本发明的肽可被延长多达四个氨基酸,即1、2、3或4个氨基酸,可按照4:0与0:4之间的任何组合添加至任意一端。本发明的延长组合可见表7。

[0224] 表7:本发明肽的延长组合

[0225]

C-端	N-端
4	0
3	0 或 1
2	0 或 1 或 2
1	0 或 1 或 2 或 3
0	0 或 1 或 2 或 3 或 4
N-端	C-端
4	0



[0226]	C-端	N-端
	3	0 或 1
	2	0 或 1 或 2
	1	0 或 1 或 2 或 3
	0	0 或 1 或 2 或 3 或 4

[0227] 拉伸/延长的氨基酸可以是所述蛋白或任何其他氨基酸的原序列肽。延长可用于增强所述肽的稳定性或溶解性。

[0228] 因此,本发明所述的表位可能与天然肿瘤相关表位或肿瘤特异性表位相同,也可能包括来自参考肽的不超过四个残基的不同肽,只要它们有基本相同的抗原活性即可。

[0229] 在一项替代实施方案中,肽的一边或双边被延长4个以上的氨基酸,优选最多30个氨基酸的总长度。这可形成MHC-II类结合肽。结合至MHC II类肽可通过本领域中已知的方法进行测试。

[0230] 因此,本发明提出了MHC I类表位的肽和变体,其中所述肽或抗体的总长度为8至100个、优选为8至30个、最优选为8至14个氨基酸长度(即10、11、12、13、14个氨基酸,如果为延长II类结合肽时,长度也可15、16、17、18、19、20、21或22个氨基酸)。

[0231] 当然,本发明的肽或变体能与人类主要组织相容性复合体(MHC) I或II类分子结合。肽或变体与MHC复合物的结合可用本领域内的已知方法进行测试。

[0232] 优选情况是,当本发明的肽特异性T细胞相比于取代肽受到检测时,如果取代肽在相对于背景肽溶解度增加达到最大值的一半,则该肽浓度不超过约1mM,优选为不超过约1 $\mu$ M,更优选为不超过约1nM,再优选为不超过约100pM,最优选为不超过约10pM。也优选为,取代肽被一个以上的T细胞识别,最少为2个,更优选为3个。

[0233] 在本发明的一个特别优选实施方案中,肽由或基本由根据SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91所选的氨基酸序列组成。

[0234] “基本由...组成”是指本发明的肽,除了根据SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91中的任一序列或其变体组成外,还含有位于其他N和/或C端延伸处的氨基酸,而它们不一定能形成作为MHC分子表位的肽。

[0235] 但这些延伸区域对有效将本发明中的肽引进细胞具有重要作用。在本发明的一实施例中,该肽为融合蛋白的一部分,含来自NCBI、GenBank登录号X00497的HLA-DR抗原相关不变链(p33,以下称为“Ii”)的80个N-端氨基酸等。在其他的融合中,本发明的肽可以被融合到本文所述的抗体、或其功能性部分,特别是融合入抗体的序列,以便所述抗体进行特异性靶向作用,或者,例如进入本文所述的树突状细胞特异性抗体。

[0236] 此外,该肽或变体可进一步修饰以提高稳定性和/或与MHC分子结合,从而引发更强的免疫反应。肽序列的该类优化方法是本领域内所熟知的,包括,例如,反式肽键和非肽键的引入。

[0237] 在反式肽键氨基酸中,肽(-CO-NH-)并未连接其残基,但是其肽键是反向的。这种逆向反向模拟肽(retro-inverso peptidomimetics)可通过本领域已知的方法制备,例如:Meziere等人在(Meziere et al.,1997)中所述的方法,以引用的方式并入本文。这种方法涉及制备包含骨架(而并非侧链)改变的模拟肽。Meziere等人(Meziere et al.,1997)的研

究显示,这些模拟肽有利于MHC的结合和辅助性T细胞的反应。以NH-CO键替代CO-NH肽键的逆向反向肽大大地提高了抗水解性能。

[0238] 非肽键为-CH<sub>2</sub>-NH、-CH<sub>2</sub>S-、-CH<sub>2</sub>CH<sub>2</sub>-、-CH=CH-、-COCH<sub>2</sub>-、-CH(OH)CH<sub>2</sub>-和-CH<sub>2</sub>SO-等。美国4897445号专利提出了多肽链中非肽键(-CH<sub>2</sub>-NH)的非固相合成法,该方法涉及按标准程序合成的多肽以及通过氨基醛和一种含NaCNBH<sub>3</sub>的氨基酸相互作用而合成的非肽键。

[0239] 含上述序列的肽可与其氨基和/或羧基末端的其他化学基团进行合成,从而提高肽的稳定性、生物利用度、和/或亲和力等。例如,苄氧羰基、丹酰基等疏水基团或叔丁氧羰基团可加入肽的氨基末端。同样,乙酰基或9-芴甲氧羰基可能位于肽的氨基末端。此外,疏水基团、叔丁氧羰基团或氨基团都可能被加入肽的羧基末端。

[0240] 另外,本发明中的所有肽都可能经合成而改变其空间构型。例如,可能使用这些肽的一个或多个氨基酸残基的右旋体,通常不是其左旋体。更进一步地,本发明中肽的至少一个氨基酸残基可被熟知的一个非天然氨基酸残基取代。诸如此类的改变可能有助于增加本发明肽的稳定性、生物利用度和/或结合作用。

[0241] 同样,本发明中的肽或变体可在合成肽之前或之后通过特异氨基酸的反应而进行化学修饰。此类修饰的实施例为本领域所熟知,例如,在R.Lundblad所著的《Chemical Reagents for Protein Modification》(3rd ed.CRC Press,2004) (Lundblad,2004)中有概述,以参考文献的方式并入本文。虽然氨基酸的化学修饰方法无限制,但其包括(但不限于)通过以下方法修饰:酰基化、脲基化、赖氨酸吡哆基化、还原烷基化、以2,4,6-三硝基苯磺酸(TNBS)三硝基苯基化氨基团、通过将半胱氨酸过甲酸氧化为磺基丙氨酸而对羧基团和巯基进行氨基修饰、形成易变衍生物、与其他巯基化合物形成混合二硫化合物、与马来酰亚胺反应,与碘乙酸或碘乙酰胺羧甲基化、在碱性pH值下与氰酸盐甲氨酰化。在这方面,技术人员参考了《Current Protocols In Protein Science》(Eds.Coligan et al.(John Wiley and Sons NY 1995-2000)) (Coligan et al.,1995)中第15章所述的在蛋白质化学修饰相关的广泛方法。

[0242] 简言之,修饰蛋白质的精氨酸残基等往往基于于邻二羰基化合物(如苯甲酰甲醛、2,3-丁二酮以及1,2-烯丙二酮)的反应而形成加合物。另一个实施例是丙酮醛与精氨酸残基的反应。半胱氨酸可在赖氨酸和组氨酸等亲核位点不作随同修饰的情况下就得到修饰。因此,有大量试剂可进行半胱氨酸的修饰。Sigma-Aldrich(<http://www.sigma-aldrich.com>)等公司的网站含有具体试剂的信息。

[0243] 蛋白质中二硫键的选择性还原也很普遍。二硫键可在生物制药热处理中形成和氧化。伍德沃德氏试剂K可用于修饰特定的谷氨酸残基。N-(3-二甲氨基丙基)-N'-乙基-碳二亚胺可用于形成赖氨酸残基和谷氨酸残基的分子内交联。例如:焦碳酸二乙酯是修饰蛋白质组氨酸残基的试剂。组氨酸也可使用4-羟基-2-壬烯醛进行修饰。赖氨酸残基与其他α-氨基团的反应,例如,有利于肽结合到蛋白/肽的表面或交联处。赖氨酸聚是多(乙烯)乙二醇的附着点,也是蛋白质糖基化的主要修饰位点。蛋白质的蛋氨酸残基可通过碘乙酰胺、溴乙胺、氯胺T等被修饰。

[0244] 四硝基甲烷和N-乙酰基咪唑可用于酪氨酸残基的修饰。经二酪氨酸形成的交联可通过过氧化氢/铜离子完成。

[0245] 对色氨酸修饰的最近研究中使用了N-溴代琥珀酰亚胺、2-羟基-5-硝基苄溴或3-溴-3-甲基-2-(2-硝苯硫基)-3H-吡啶(BPNS-粪臭素)。

[0246] 当蛋白与戊二醛、聚乙二醇二丙烯酸酯和甲醛的交联用于配制水凝胶时,治疗性蛋白和含聚乙二醇的肽的成功修饰往往可延长循环半衰期。针对免疫治疗的变态反应原化学修饰往往通过氰酸钾的氨基甲酰化实现。

[0247] 本发明的另一实施方案涉及一种非天然肽,其中所述肽由或基本由根据SEQ ID No:1至SEQ ID No:156的氨基酸序列组成,并经合成产生(即,合成)为一种药用盐。合成产生肽的方法是本领域公知的。本发明肽的盐与其体内状态的肽基本上不同,因为这些体内产生的肽不是盐。该肽的非天然盐形式介导肽的溶解度,特别是包含所述肽的药物组合物的情况下,例如,本文所公开的肽疫苗。为了向需治疗的受试者有效地提供肽,需要肽具有充分、至少基本的溶解度。优选地,盐为肽的药用盐。本发明的这些盐包括碱和碱土盐类,诸如Hofmeister系列的盐,包含阴离子 $\text{PO}_4^{3-}$ 、 $\text{SO}_4^{2-}$ 、 $\text{CH}_3\text{COO}^-$ 、 $\text{Cl}^-$ 、 $\text{Br}^-$ 、 $\text{NO}_3^-$ 、 $\text{ClO}_4^-$ 、 $\text{I}^-$ 、 $\text{SCN}^-$ 和阳离子 $\text{NH}_4^+$ 、 $\text{Rb}^+$ 、 $\text{K}^+$ 、 $\text{Na}^+$ 、 $\text{Cs}^+$ 、 $\text{Li}^+$ 、 $\text{Zn}^{2+}$ 、 $\text{Mg}^{2+}$ 、 $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{Mn}^{2+}$ 、 $\text{Cu}^{2+}$ 和 $\text{Ba}^{2+}$ 。特别地,盐选自 $(\text{NH}_4)_3\text{PO}_4$ 、 $(\text{NH}_4)_2\text{HPO}_4$ 、 $(\text{NH}_4)\text{H}_2\text{PO}_4$ 、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 、 $\text{NH}_4\text{CH}_3\text{COO}$ 、 $\text{NH}_4\text{Cl}$ 、 $\text{NH}_4\text{Br}$ 、 $\text{NH}_4\text{NO}_3$ 、 $\text{NH}_4\text{ClO}_4$ 、 $\text{NH}_4\text{I}$ 、 $\text{NH}_4\text{SCN}$ 、 $\text{Rb}_3\text{PO}_4$ 、 $\text{Rb}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{RbH}_2\text{PO}_4$ 、 $\text{Rb}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{Rb}_4\text{CH}_3\text{COO}$ 、 $\text{Rb}_4\text{Cl}$ 、 $\text{Rb}_4\text{Br}$ 、 $\text{Rb}_4\text{NO}_3$ 、 $\text{Rb}_4\text{ClO}_4$ 、 $\text{Rb}_4\text{I}$ 、 $\text{Rb}_4\text{SCN}$ 、 $\text{K}_3\text{PO}_4$ 、 $\text{K}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$ 、 $\text{K}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{KCH}_3\text{COO}$ 、 $\text{KCl}$ 、 $\text{KBr}$ 、 $\text{KNO}_3$ 、 $\text{KClO}_4$ 、 $\text{KI}$ 、 $\text{KSCN}$ 、 $\text{Na}_3\text{PO}_4$ 、 $\text{Na}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{NaH}_2\text{PO}_4$ 、 $\text{Na}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{NaCH}_3\text{COO}$ 、 $\text{NaCl}$ 、 $\text{NaBr}$ 、 $\text{NaNO}_3$ 、 $\text{NaClO}_4$ 、 $\text{NaI}$ 、 $\text{NaSCN}$ 、 $\text{ZnCl}_2$ 、 $\text{Cs}_3\text{PO}_4$ 、 $\text{Cs}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{CsH}_2\text{PO}_4$ 、 $\text{Cs}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{CsCH}_3\text{COO}$ 、 $\text{CsCl}$ 、 $\text{CsBr}$ 、 $\text{CsNO}_3$ 、 $\text{CsClO}_4$ 、 $\text{CsI}$ 、 $\text{CsSCN}$ 、 $\text{Li}_3\text{PO}_4$ 、 $\text{Li}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{LiH}_2\text{PO}_4$ 、 $\text{Li}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{LiCH}_3\text{COO}$ 、 $\text{LiCl}$ 、 $\text{LiBr}$ 、 $\text{LiNO}_3$ 、 $\text{LiClO}_4$ 、 $\text{LiI}$ 、 $\text{LiSCN}$ 、 $\text{Cu}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{Mg}_3(\text{PO}_4)_2$ 、 $\text{Mg}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{Mg}(\text{H}_2\text{PO}_4)_2$ 、 $\text{Mg}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{Mg}(\text{CH}_3\text{COO})_2$ 、 $\text{MgCl}_2$ 、 $\text{MgBr}_2$ 、 $\text{Mg}(\text{NO}_3)_2$ 、 $\text{Mg}(\text{ClO}_4)_2$ 、 $\text{MgI}_2$ 、 $\text{Mg}(\text{SCN})_2$ 、 $\text{MnCl}_2$ 、 $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ 、 $\text{Ca}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{Ca}(\text{H}_2\text{PO}_4)_2$ 、 $\text{CaSO}_4$ 、 $\text{Ca}(\text{CH}_3\text{COO})_2$ 、 $\text{CaCl}_2$ 、 $\text{CaBr}_2$ 、 $\text{Ca}(\text{NO}_3)_2$ 、 $\text{Ca}(\text{ClO}_4)_2$ 、 $\text{CaI}_2$ 、 $\text{Ca}(\text{SCN})_2$ 、 $\text{Ba}_3(\text{PO}_4)_2$ 、 $\text{Ba}_2\text{HPO}_4$ 、 $\text{Ba}(\text{H}_2\text{PO}_4)_2$ 、 $\text{BaSO}_4$ 、 $\text{Ba}(\text{CH}_3\text{COO})_2$ 、 $\text{BaCl}_2$ 、 $\text{BaBr}_2$ 、 $\text{Ba}(\text{NO}_3)_2$ 、 $\text{Ba}(\text{ClO}_4)_2$ 、 $\text{BaI}_2$ 和 $\text{Ba}(\text{SCN})_2$ 。特别优选为NH乙酸、 $\text{MgCl}_2$ 、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$ 、 $\text{Na}_2\text{SO}_4$ 、 $\text{KCl}$ 、 $\text{NaCl}$ 和 $\text{CaCl}_2$ ,例如:氯化物或乙酸盐(三氟乙酸)盐。

[0248] 一般来说,肽和变体(至少含氨基酸残基之间的肽联接)可使用Lukas等人(Lukas et al., 1981)以及此处引用的参考文献所披露的固相肽合成Fmoc-聚酰胺模式进行合成。芴甲氧羰基(Fmoc)团对N-氨基提供临时保护。使用N,N-二甲基甲酰胺中的20%二甲基吡啶中对这种碱高度敏感的保护基团进行重复分裂。由于它们的丁基醚(在丝氨酸苏氨酸和酪氨酸的情况下)、丁基酯(在谷氨酸和天门冬氨酸的情况下)、叔丁氧羰基衍生物(在赖氨酸和组氨酸的情况下)、三苯甲基衍生物(在半胱氨酸的情况下)及4-甲氧基-2,3,6-三甲苯基磺酰基衍生物(在精氨酸的情况下),侧链功能可能会受到保护。只要谷氨酰胺和天冬酰胺为C-末端残基,侧链氨基功能保护所使用的是由4,4'-二甲氧基二苯基团。固相支撑基于聚二甲基丙烯酰胺聚合物,其由三个单体二甲基丙烯酰胺(骨架单体)、双丙烯酰乙烯二胺(交联剂)和N-丙烯酰肌胺酸甲酯(功能剂)构成。使用的肽-树脂联剂为酸敏感的4-羟甲基苯乙酸衍生物。所有的氨基酸衍生物均作为其预制对称酸酐衍生物加入,但是天冬酰胺和谷氨酰胺除外,它们使用被逆转的N,N-二环己基碳二亚胺/1-羟基苯并三唑介导的耦合程序而加入。所有的耦合和脱保护反应用茚三酮、硝基苯磺酸或isotin测试程序监测。合成完成后,用浓度为95%含50%清道夫混合物的三氟醋酸,从伴随去除侧链保护基团的树脂支撑物中裂解肽。常用的清道夫混合物包括乙二硫醇、苯酚、苯甲醚和水,准确的选择依据合成

肽的氨基酸组成。此外,固相和液相方法结合使用对肽进行合成是可能的(例如,请参阅(Bruckdorfer et al.,2004)以及本文引用的参考文献)。

[0249] 三氟乙酸用真空中蒸发、随后用承载粗肽的二乙基乙醚滴定进行去除。用简单萃取程序(水相冻干后,该程序制得不含清道夫混合物的肽)清除任何存在的清道夫混合物。肽合成试剂一般可从Calbiochem-Novabiochem(诺丁汉,英国)获得。

[0250] 纯化可通过以下技术的任何一种或组合方法进行,如:再结晶法、体积排阻色谱法、离子交换色谱法、疏水作用色谱法以及(通常)反相高效液相色谱法(如使用乙腈/水梯度分离)。

[0251] 可以使用薄层色谱法、电泳特别是毛细管电泳、固相萃取(CSPE)、反相高效液相色谱法、酸解后的氨基酸分析、快原子轰击(FAB)质谱分析以及MALDI和ESI-Q-TOF质谱分析进行肽分析。

[0252] 为了选择过度提呈的肽,计算了提呈图,其显示样本中位提呈量以及复制变化。该特点使相关肿瘤实体的样本与正常组织样本的基线值并列。可通过计算调节线性混合效应模型(Pinheiro et al.,2015)的p值将以上每个特点并入过度提呈分数中,从而通过假发现率(Benjamini and Hochberg,1995)调整多项检验(参见实施例1、图1)。

[0253] 对于通过质谱法对HLA配体的识别和相对定量,对来自冲击冷冻组织样本的HLA分子进行纯化并对HLA相关肽进行分离。分离的肽分开,并通过在线纳米-电喷雾-电离(nanoESI)液相色谱-谱(LC-MS)实验进行鉴定。由此产生的肽序列的验证方法是,将头颈鳞状细胞癌样本(N=17个A\*02阳性样本)中记录的自然肿瘤相关肽(TUMAP)的片段模式与相同序列相应合成参考肽的片段模式进行比较。由于这些肽被直接鉴定为原发性肿瘤HLA分子的配体,因此这些结果为来自14名头颈鳞状细胞癌患者的原发癌症组织上确定肽的自然加工和提呈提供了直接证据。

[0254] 发现管道XPRESIDENT® v2.1(例如,参见US 2013-0096016,并在此通过引用将其整体并入本文)考虑到识别和选择相关过量提呈的候选肽疫苗,这基于与几种不同的非癌组织和器官相比癌症或其他受感染组织的HLA限制肽水平直接相对定量结果。这通过以下方法实现:使用专有数据分析管道处理的LC-MS采集数据、结合序列识别算法、谱聚类、计算离子、保留时间调整、充电状态卷积以及正态化而开发无标记差异化定量方法。

[0255] 为每种肽和样本确立了提呈水平,包括误差估计值。肿瘤组织大量提呈的肽以及肿瘤与非肿瘤组织和器官中过量提呈的肽已经得到确定。

[0256] 对来自头颈鳞状细胞癌组织样本的HLA肽复合物进行纯化,并且对HLA相关肽使用LC-MS进行分离和分析(见实施例)。本申请中包含的所有TUMAP使用原发性头颈鳞状细胞癌样本的方法进行鉴定,确认其在原发性头颈鳞状细胞癌上的提呈。

[0257] 在多个头颈鳞状细胞癌和正常组织上确定的TUMAP用无标记LC-MS数据的离子计数方法进行量化。该方法假定肽的LC-MS信号区域与样本中其丰度相关。各种LC-MS实验中肽的所有量化信号在集中趋势基础上进行正常化,根据每个样品进行平均,并合并入柱状图(被称为提呈图)。提呈图整合了不同分析方法,如:蛋白数据库检索、谱聚类、充电状态卷积(除电)和保留时间校准和正态化。

[0258] 除了过量提呈肽之外,也测试了潜在基因的mRNA表达。mRNA数据通过RNA测序分析正常组织和癌组织获得(见实施例2、图2)。正常组织数据的额外来源是从3000个正常组织

样本中公开获得的RNA表达数据的数据库(Lonsdale,2013)。获得自蛋白的肽在癌组织中显示高表达编码mRNA,但是在重要正常组织中非常低或不存在,这些肽作为优选肽纳入本发明。

[0259] 本发明提出了有利于治疗癌肿/肿瘤,优选为治疗过量提呈或只提呈本发明肽的头颈鳞状细胞癌。这些肽由质谱分析法直接显示出,而由HLA分子自然提呈于原发性头颈鳞状细胞癌。

[0260] 与正常组织相比,癌症中高度过量表达肽来源的许多源基因/蛋白质(也指定为“全长蛋白”或“基础蛋白”) - 本发明相关的“正常组织”是健康乳腺细胞或其他正常组织细胞,这表明肿瘤与这些源基因的高度关联性(见实施例2)。此外,这些肽本身也在肿瘤组织中过度提呈(本发明相关的“肿瘤组织”是指来自头颈鳞状细胞癌患者的样本),但不在正常组织中过度提呈(见实施例1)。

[0261] HLA结合肽能够被免疫系统识别,特别是T淋巴细胞。T细胞可破坏提呈被识别HLA/肽复合体的细胞(如:提呈衍生肽的头颈鳞状细胞癌细胞)。

[0262] 本发明的所有肽已被证明具有刺激T细胞反应的能力,并过量提呈,因而可用于制备本发明的抗体和/或TCR,例如可溶性TCR(参见实施例3和实施例4)。此外,肽与相应的MHC组合时,也可用于制备本发明的抗体和/或TCR,特别是sTCR。各个方法均为技术人员所熟知,并在各个文献中可找到。因此,本发明的肽可用于在患者中产生免疫反应,从而能够毁灭肿瘤细胞。患者的免疫反应能够通过直接给予患者所述肽或前体物质(如,加长肽、蛋白或编码这些肽的核酸),较理想是与加强免疫原性的制剂相结合,而进行诱导。源自该治疗性疫苗的免疫反应预期能够高度特异性地对抗肿瘤细胞,因为本发明的目标肽在正常组织上提呈的复制数目较少,防止患者发生对抗正常细胞的不良自体免疫反应的风险。

[0263] 本说明书还涉及包含一个 $\alpha$ 链和一个 $\beta$ 链(“ $\alpha/\beta$ TCR”)的T细胞受体(TCR)。还提供了由MHC分子提呈时可与TCR和抗体结合的本发明的肽。本说明书还涉及核酸、载体和用于表达TCR的宿主细胞和本说明书的肽;以及使用它们的方法。

[0264] 术语“T细胞受体”(缩写TCR)是指一种异二聚体分子,其包含一个 $\alpha$ 多肽链( $\alpha$ 链)和一个 $\beta$ 多肽链( $\beta$ 链),其中所述异二聚体受体能够结合由HLA分子提呈的肽抗原。该术语还包括所谓的 $\gamma/\delta$ TCR。

[0265] 在一个实施方案中,本说明书提供了如本文中所描述的产生TCR的方法,该方法包括在适于促进TCR表达的条件下培养能够表达TCR的宿主细胞。

[0266] 另一个方面,本说明书涉及一种根据本说明书的方法,其中通过使足量的抗原与抗原提呈细胞接触,将抗原加载到于合适抗原提呈细胞或人工抗原呈递细胞表面表达的I或II类MHC分子上,或者通过将I或II类MHC复合单体四聚体化,使抗原加载到I或II类MHC四聚体上。

[0267]  $\alpha/\beta$ TCR的 $\alpha$ 和 $\beta$ 链和 $\gamma/\delta$ TCR的 $\gamma$ 和 $\delta$ 链通常被视为各自有两个“结构域”,即可变和恒定结构域。可变结构域由可变区(V)和连接区(J)的组合。可变结构域还可能包括一个前导区(L)。 $\beta$ 和 $\delta$ 链还可能包括一个多样区(D)。 $\alpha$ 和 $\beta$ 恒定结构域还可能包括锚定 $\alpha$ 和 $\beta$ 链至细胞膜的C末端跨膜(TM)结构域。

[0268] 相对于 $\gamma/\delta$ 的TCR,如本文所用的术语“TCR  $\gamma$  可变域”是指无前导区(L)的TCR  $\gamma$  V (TRGV)区与TCR  $\gamma$  (TRGJ)区的组合,术语TCR  $\gamma$  恒定结构域是指细胞外TRGC区域,或C-末端

截短TRGC序列。同样地,“TCR $\delta$ 可变域”是指无前导区(L)的TCR $\delta$ V(TRDV)区与TCR $\delta$ D/J(TRDD/TRDJ)区的组合,术语“TCR $\delta$ 恒定结构域”是指细胞外TRDC区域,或C-末端截短TRDC序列。

[0269] 本说明书的TCR优选结合至肽HLA分子复合体,其具有约100 $\mu$ M或更小、约50 $\mu$ M或更小、约25 $\mu$ M或更小或约10 $\mu$ M或更小的结合亲和力(KD)。更为优选的情况是具有约1 $\mu$ M或更小、约100nM或更小、约50nM或更小或约25nM或更小结合亲和力的高亲和力TCR。本发明TCR优选结合亲和力范围的非限制性示例包括约1nM至约10nM;约10nM至约20nM;约20nM至约30nM;约30nM至约40nM;约40nM至约50nM;约50nM至约60nM;约60nM至约70nM;约70nM至约80nM;约80nM至约90nM;以及约90nM至约100nM。

[0270] 与本说明书TCR相关,本文使用的“特异性结合”及其语法变体用于表示对100 $\mu$ M或更小的肽-HLA分子复合体有结合亲和力(KD)的TCR。

[0271] 本说明书的 $\alpha/\beta$ 异二聚体TCR可能具有其恒定结构域之间的引入二硫键。这种类型的优选TCR包括那些具有一个TRAC恒定域序列和TRBC1或TRBC2恒定域序列的TCR,除非TRAC的苏氨酸48和TRBC1或TRBC2的丝氨酸57被半胱氨酸残基取代,所述半胱氨酸形成TRAC恒定域序列和TCR的TRBC1或TRBC2恒定区序列之间的二硫键。

[0272] 不论具有或不具有上述的引入链间键,本说明书的 $\alpha/\beta$ 杂二聚体TCR可能具有一个TRAC恒定域序列和一个TRBC1或TRBC2恒定结构域序列,并且TRAC恒定结构域序列和TCR的TRBC1或TRBC2恒定结构域序列可能通过TRAC外显子2的Cys4和TRBC1或TRBC2外显子2的Cys4之间的天然二硫键相连。

[0273] 本说明书的TCR可能包括选自放射性核素、荧光团和生物素组成组中的可检测标记。本说明书的TCR可能结合至治疗活性剂,如放射性核素、化学治疗剂或毒素。

[0274] 在一个实施方案中,具有在 $\alpha$ 链中至少一个突变和/或具有在 $\beta$ 链中至少一个突变的TCR与未突变TCR相比,已经修改了糖基化。

[0275] 在一个实施方案中,在TCR $\alpha$ 链和/或TCR $\beta$ 链中包括至少一个突变的TCR对肽HLA分子复合体有结合亲和力和/或结合半衰期,其是包含未突变TCR $\alpha$ 链和/或未突变TCR $\beta$ 链的TCR的结合亲和力的至少两倍。肿瘤特异性TCR亲和力增强及其开发依赖于存在最佳TCR亲和力的窗口。这样窗口的存在是根据观察结果:HLA-A2限制性病原体特异性TCR与HLA-A2限制性肿瘤相关自身抗原特异性TCR相比,KD值通常大约低10倍。现已知,尽管肿瘤抗原可能具有免疫原性,但是因为肿瘤来自个体自身的细胞,因此仅突变蛋白质或翻译加工改变的蛋白将被免疫系统视为外来物质。上调或过度表达(所谓的自体抗原)的抗原不一定诱导针对肿瘤的功能免疫应答:表达对这些抗原具有高度反应性的TCR的T细胞会在一种称为中枢耐受的程序中在胸腺内被不利选择,也就是说只有对自身抗原具有低亲和力TCR的细胞才仍然存在。因此,本说明书的TCR或变体对肽的亲和力可通过本领域熟知的方法来增强。

[0276] 本说明书还涉及一种识别和分离本发明TCR的一种方法,所述方法包括:用A2/肽单体从HLA-A\*02阴性健康供体孵育PBMC,用四聚体-藻红蛋白(PE)孵育PBMC并通过荧光激活细胞分选(FACS)-Calibur方法分析分离高亲和力T细胞。

[0277] 本说明书还涉及一种识别和分离本发明TCR的一种方法,所述方法包括:获得含整个人体TCR $\alpha\beta$ 基因位点(1.1和0.7Mb)的转基因小鼠(其T细胞表达多样化人类TCR,用于补偿小鼠TCR缺乏),用一种肽对小鼠进行免疫处理,用四聚体-藻红蛋白(PE)孵育从转基因小鼠中获得的PBMC,并通过荧光激活细胞分选(FACS)-Calibur方法分析分离高亲和力T细胞。

[0278] 一方面,为了获得表达本说明书TCR的T细胞,编码本说明书TCR- $\alpha$ 和/或TCR- $\beta$ 链的核酸被克隆入表达载体,诸如 $\gamma$ 反转录病毒或慢病毒。重组病毒产生,然后测试功能,如抗原专一性和功能性亲合力。然后,最终产品的等分试样被用于转导靶T细胞群体(一般纯化自患者的PBMC),在输入患者前展开。另一方面,为了获得表达本说明书TCR的T细胞,TCR RNA通过本领域中已知的技术(例如,体外转录系统)合成。然后,体外合成的TCR RNA通过电穿孔来重新表达肿瘤特异性TCR- $\alpha$ 和/或TCR- $\beta$ 链被引入获得自健康供体的初级CD8<sup>+</sup> T细胞。

[0279] 为了增加表达,编码本说明书TCR的核酸在操作上可连接到强启动子,例如逆转录病毒长末端重复序列(LTR)、巨细胞病毒(CMV)、鼠干细胞病毒(MSCV) U3、磷酸甘油酸激酶(PGK)、 $\beta$ 肌动蛋白、泛素蛋白和猿猴病毒40(SV40)/CD43复合启动子、延伸因子(EF)-1a和脾脏病灶形成病毒(SFFV)启动子。在一优选实施方案中,启动子与被表达的核酸异源。除了强启动子外,本说明书的TCR表达盒可能含有附加的元素,可提高转基因表达,包括中枢多聚嘌呤区(CPPT),其促进了慢病毒构建体的核易位(Follenzi et al.,2000),和土拨鼠肝炎病毒转录后调控元素(WPRE),其通过提高RNA稳定性增加转基因表达水平(Zufferey et al.,1999)。

[0280] 本发明TCR的 $\alpha$ 和 $\beta$ 链可由位于分开的载体核酸进行编码,或者可通过位于同一载体的多核苷酸编码。

[0281] 实现高水平的TCR表面表达需要引入TCR的TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链高水平转录。为了实现它,本说明书的TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链可在单一的载体中被克隆入双顺反子构建体,其已被证明能够克服这一障碍。使用TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链在之间的病毒核糖体间进入位点(IRES)导致两链的协同表达,因为TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链均由在翻译过程中分成两个蛋白质的单一转录物产生,从而确保了产生TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链的相等摩尔比。(Schmitt et al.2009)。

[0282] 编码本说明书TCR的核酸可以是被优化以从宿主细胞增加表达的密码子。遗传密码冗余让一些氨基酸被一个以上的密码子编码,但某些密码子没有其他密码子“优化”,因为匹配tRNA以及其他因子的相对可用性(Gustafsson et al.,2004)。修改TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 基因序列使得每个氨基酸被用于哺乳动物基因表达的最佳密码子编码,以及消除mRNA不稳定性基序或隐蔽剪接位点,已显示可显著提高TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 基因表达(Scholten et al.,2006)。

[0283] 此外,引入的和内源性TCR链之间的错配可能会导致获得特异性,其构成自身免疫的显著风险。例如,混合TCR二聚体的形成可能会减少可用以形成正确配对TCR复合体的CD3分子数目,因此,可以显著降低表达所引入TCR的细胞的功能性亲合力(Kuball et al.,2007)。

[0284] 为了减少错配,本说明书引入的TCR链的C-末端结构域可以进行修改以促进链间亲和力,同时降低引入链与内源TCR配对的能力。这些策略可能包括用鼠配对物取代人类TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ C端结构域(鼠化C端结构域);通过引入第二个半胱氨酸残基到引入TCR的TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链产生C末端结构域的第二个链间二硫键(半胱氨酸修饰);交换TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链C端结构域的相互作用残基(“杵臼结构”);直接融合TCR- $\alpha$ 和TCR- $\beta$ 链可变结构域至CD3 $\zeta$ (CD3 $\zeta$ 融合)(Schmitt et al.2009)。

[0285] 在一实施方案中,宿主细胞被改变结构以表达本说明书的TCR。在一优选实施方案

中,宿主细胞为人T细胞或T细胞祖细胞。在一些实施方案中,T细胞或T细胞祖细胞从癌症患者中获得。在另一些实施方案中,T细胞或T细胞祖细胞从健康供体中获得。本说明书的宿主细胞相对于待治疗的患者可以为同种异体或自体的。在一实施方案中,宿主是被转化以表达 $\alpha/\beta$ TCR的 $\gamma/\delta$ T细胞。

[0286] “药物组合物”是指适合在医疗机构用于人体的组合物。优选地,药物组合物为无菌状态,并根据GMP指南生产。

[0287] 药物组合物包括游离形式或以一种药用盐形式存在的肽(也参见上文)。此处使用的“药用盐”是指所公开的肽的一种衍生物,其中该肽由制酸或药剂的碱盐进行改性。例如,用与适合的酸反应的游离碱(通常其中的中性药物有一个中性-NH<sub>2</sub>基团)制备酸式盐。适合制备酸盐的酸包括有机酸,如:乙酸、丙酸、羧基酸、丙酮酸、草酸、苹果酸、丙二酸、丁二酸、马来酸、富马酸、酒石酸、柠檬酸、苯甲酸、肉桂酸、扁桃酸、甲磺酸、甲磺酸、苯磺酸、水杨酸等等、以及无机酸,如:盐酸、氢溴酸、硫酸、硝酸和磷酸等。相反,可在一种肽上提呈的酸性基团的碱盐制剂使用药用碱基进行制备,如氢氧化钠、氢氧化钾、氢氧化铵、氢氧化钙、三甲胺等等。

[0288] 在特别优选的实施方案中,药物组合物包括乙酸(醋酸盐),三氟乙酸盐或盐酸(氯化物)形式的肽。

[0289] 本发明中所述的药剂优选为一种免疫治疗药剂,例如,一种疫苗。该疫苗可直接给到患者的受影响器官,也可i.d.、i.m.、s.c.、i.p.和i.v.注射方式全身给药,或体外应用到来自患者或其细胞株的细胞(随后再将这些细胞注入到患者中),或体外用于从来自患者的免疫细胞的一个细胞亚群(然后再将细胞重新给予患者)。如果核酸体外注入细胞,可能有益于细胞转染,以共同表达免疫刺激细胞因子(如白细胞介素-2)。肽可完全单独给药,也可与免疫刺激佐剂相结合(见下文)、或与免疫刺激细胞因子联合使用、或以适当的输送系统给药(例如脂质体)。该肽也可结合形成一种合适的载体(如钥孔虫血蓝蛋白(KLH)或甘露)到合适的载体(参阅WO 95/18145及(Longenecker et al.,1993))。肽也可能被标记,可能是融合蛋白,或可能是杂交分子。在本发明中给出序列的肽预计能刺激CD4或CD8T细胞。然而,在有CD4T-辅助细胞的帮助时,CD8T细胞刺激更加有效。因此,对于刺激CD8T细胞的MHC-I类表位,一种杂合分子的融合伙伴或片段提供了刺激CD4阳性T细胞的适当表位。CD4-和CD8刺激表位为本领域所熟知、并包括本发明中确定的表位。

[0290] 一方面,疫苗包括至少含有SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91中提出的一种肽以及至少另外一种肽,优选为2至50个、更优选为2至25个、再优选为2至20个、最优选为2、3、4、5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17或18个肽。肽可能从一个或多个特定TAA中衍生,并且可能与MHC I类分子结合。

[0291] 另一方面,本发明提出了一种编码本发明中肽或肽变体的核酸(如多聚核苷酸)。多聚核苷酸可能为,例如,DNA、cDNA、PNA、RNA或其组合物,它们可为单链和/或双链、或多聚核苷酸的原生或稳定形式(如:具有硫代磷酸骨架的多聚核苷酸),并且只要它编码肽,就可能包含也可能不包含内含子。当然,多聚核苷酸只能编码加入天然肽键并含有天然氨基酸残基的肽。另一个方面,本发明提出了一种可根据本发明表达多肽的表达载体。

[0292] 对于连接多核苷酸,已经开发出多种方法,尤其是针对DNA,可通过向载体补充可连接性末端等方法进行连接。例如,可向DNA片段加入补充性均聚物轨道,之后DNA片段被插



入到载体DNA。然后,通过补充性均聚物尾巴的氢键结合,将载体和DNA片段结合,从而形成重组DNA分子。

[0293] 含有一个或多个酶切位点的合成接头为DNA片段与载体连接提供了另一种方法。含各种限制性核酸内切酶的合成接头可通过多种管道购得,其中包括从国际生物技术公司(International Biotechnologies Inc, New Haven, 康涅狄格州,美国)购得。

[0294] 编码本发明多肽的DNA理想修饰方法是使用Saiki等人(Saiki et al., 1988)所采用的聚合酶链反应方法。此方法可用于将DNA引入合适的载体(例如,通过设计合适的酶切位点),也可用于本领域已知的其他有用方法修饰DNA。如果使用病毒载体,痘病毒载体或腺病毒载体为优选。

[0295] 之后,DNA(或在逆转录病毒载体情况下,RNA)可能表达于合适的宿主,从而制成含本发明肽或变体的多肽。因此,可根据已知技术使用编码本发明肽或变体的DNA,用本文所述方法适当修饰后,构建表达载体,然后表达载体用于转化合适宿主细胞,从而表达和产生本发明中的多肽。此类技术包括那些公开于,例如,美国专利4,440,859、4,530,901、4,582,800、4,677,063、4,678,751、4,704,362、4,710,463、4,757,006、4,766,075和4,810,648。

[0296] 编码含本发明化合物多肽的DNA(或在逆转录病毒载体情况下,RNA)可能被加入到其他多种DNA序列,从而引入到合适的宿主中。同伴DNA将取决于宿主的性质、DNA引入宿主的方式、以及是否需要保持为游离体还是要相互结合。

[0297] 一般来说,DNA可以适当的方向和正确的表达阅读框架附着到一种表达载体(如质粒)中。如有必要,该DNA可能与所需宿主所识别的相应转录和翻译调节控制核苷酸序列连接,尽管表达载体中一般存在此类控制功能。然后,该载体通过标准方法被引入宿主。一般来说,并不是所有的宿主都会被载体转化。因此,有必要选择转化过的宿主细胞。选择方法包括用任何必要的控制元素向表达载体插入一个DNA序列,该序列对转化细胞中的可选择性属性(如抗生素耐药性)进行编码。

[0298] 另外,有这种选择属性的基因可在另外一个载体上,该载体用来协同转化所需的宿主细胞。

[0299] 然后,本发明中的重组DNA所转化的宿主细胞在本文中所述本领域技术人员熟悉的合适条件下培养足够长的时间,从而表达之后可回收的肽。

[0300] 有许多已知的表达系统,包括细菌(如大肠杆菌和枯草芽孢杆菌)、酵母(如酵母菌)、丝状真菌(如曲霉菌)、植物细胞、动物细胞及昆虫细胞。该系统可优选为哺乳动物细胞,如来自ATCC细胞生物学库(Cell Biology Collection)中的CHO细胞。

[0301] 典型的哺乳动物细胞组成型表达载体质粒包括CMV或含一个合适的多聚A尾巴的SV40启动子以及抗性标志物(如新霉素)。一个实例为从Pharmacia公司(Piscataway, 新泽西州,美国)获得的pSVL。一种可诱导型哺乳动物表达载体的例子是pMSG,也可以从Pharmacia公司获得。有用的酵母质粒载体是pRS403-406和pRS413-416,一般可从Stratagene Cloning Systems公司(La Jolla, 加州92037,美国)获得。质粒pRS403、pRS404、pRS405和pRS406是酵母整合型质粒(YIp),并插入了酵母可选择性标记物HIS3、TRP1、LEU2和URA3。pRS413-416质粒为酵母着丝粒质粒(Ycp)。基于CMV启动子的载体(如,来自于Sigma-Aldrich公司)提供了瞬时或稳定的表达、胞浆表达或分泌,以及FLAG、3xFLAG、c-myc或MATN不同组合物中的N-端或C-端标记。这些融合蛋白可用于检测、纯化及分析重组

蛋白。双标融合为检测提供了灵活性。

[0302] 强劲的人巨细胞病毒 (CMV) 启动子调控区使得COS细胞中的组成蛋白表达水平高达1mg/L。对于较弱的细胞株,蛋白水平一般低于0.1mg/L。SV40复制原点的出现将导致DNA在SV40复制容纳性COS细胞中高水平复制。例如,CMV载体可包含细菌细胞中的pMB1 (pBR322的衍生物) 复制原点、细菌中进行氨苄青霉素抗性选育的钙-内酰胺酶基因、hGH polyA和f1的原点。含前胰岛素原引导 (PPT) 序列的载体可使用抗FLAG抗体、树脂和板引导FLAG融合蛋白分泌到进行纯化的培养基中。其他与各种宿主细胞一起应用的载体和表达系统是本领域熟知众所周知的。

[0303] 在另一个实施方案中,对本发明的两个或更多的肽或肽变体进行编码,因此,以一个连续顺序 (类似于“一串珠子”的构建体) 表达。在达到目标,所述肽或肽变体可能通过连接符氨基酸的延伸处 (例如LLLLLL) 连接或融合一起,也可能他们之间没有任何附加的肽而被连接。这些构建体也可用于癌症治疗,可诱导涉及MHC I和MHC II类分子的免疫应答。

[0304] 本发明还涉及一种宿主细胞,其以本发明的多核苷酸载体构建转化而来。宿主细胞可为原核细胞,也可真核细胞。在有些情况下,细菌细胞为优选原核宿主细胞,典型为大肠杆菌株,例如,大肠杆菌菌株DH5 (从BethesdaResearch Laboratories公司 (Bethesda, 马里兰州,美国) 获得) 和RR1 (从美国菌种保藏中心 (ATCC, Rockville, 马里兰州,美国), ATCC编号31343获得)。首选的真核宿主细胞包括酵母、昆虫和哺乳动物细胞,优选为脊椎动物细胞,如:小鼠、大鼠、猴子或人成纤维细胞和结肠癌细胞株中的细胞。酵母宿主细胞包括YPH499、YPH500和YPH501,一般可从Stratagene Cloning Systems公司 (La Jolla, CA 92037, 美国) 获得。首选哺乳动物宿主细胞包括中国仓鼠卵巢 (CHO) 细胞为ATCC中的CCL61细胞、NIH瑞士小鼠胚胎细胞NIH/3T3为ATCC中的CRL 1658细胞、猴肾源性COS-1细胞为ATCC中的CRL 1650细胞以及人胚胎肾细胞的293号细胞。首选昆虫细胞为Sf9细胞,可用杆状病毒表达载体转染。有关针对表达选择合适宿主细胞的概要,可从教科书 (Paulina Balbás and Argelia Lorence《Methods in Molecular Biology Recombinant Gene Expression, Reviews and Protocols》Part One, Second Edition, ISBN 978-1-58829-262-9) 和技术人员知道的其他文献中查到。

[0305] 含本发明DNA结构的适当宿主细胞的转化可使用大家熟知的方法完成,通常取决于使用载体的类型。关于原核宿主细胞的转化,请参见,例如,Cohen等人的文献 (Cohen et al., 1972) 和 (Green and Sambrook, 2012)。酵母细胞的转化在Sherman等人的文章 (Sherman et al., 1986) 中进行了描述。Beggs (Beggs, 1978) 中所述的方法也很有用。对于脊椎动物细胞,转染这些细胞的试剂等,例如,磷酸钙和DEAE-葡聚糖或脂质体配方,可从Stratagene Cloning Systems公司或Life Technologies公司 (Gaithersburg, MD 20877, 美国) 获得。电穿孔也可用于转化和/或转染细胞,是本领域用于转化酵母细胞、细菌细胞、昆虫细胞和脊椎动物细胞大家熟知的方法。

[0306] 被成功转化的细胞 (即含本发明DNA结构的细胞) 可用大家熟知的方法 (如PCR) 进行识别。另外,上清液存在的蛋白可使用抗体进行检测。

[0307] 应了解,本发明中的某些宿主细胞用于制备本发明中的肽,例如细菌细胞、酵母细胞和昆虫细胞。但是,其他宿主细胞可能对某些治疗方法有用。例如,抗原提呈细胞 (如树突状细胞) 可用于表达本发明中的肽,使他们可以加载相应的MHC分子中。因此,本发明提出

了含本发明中核酸或表达载体的一种宿主细胞。

[0308] 在一个优选实施方案中,宿主细胞为抗原提呈细胞,尤其是树突状细胞或抗原提呈细胞。2010年4月29日,美国食品和药物管理局(FDA)批准载有含前例腺酸性磷酸酶(PAP)的重组融合蛋白可用于治疗无症状或症状轻微的转移性HRPC(Rini et al.,2006;Small et al.,2006)。

[0309] 另一方面,本发明提出了一种配制一种肽及其变体的方法,该方法包括培养宿主细胞和从宿主细胞或其培养基中分离肽。

[0310] 在另一个实施方案中,本发明中的肽、核酸或表达载体用于药物中。例如,肽或其变体可制备为静脉(i.v.)注射剂、皮下(s.c.)注射剂、皮内(i.d.)注射剂、腹膜内(i.p.)注射剂、肌肉(i.m.)注射剂。肽注射的优选方法包括s.c.、i.d.、i.p.、i.m.和i.v.注射。DNA注射的优选方法为i.d.、i.m.、s.c.、i.p.和i.v.注射。例如,给予50 $\mu$ g至1.5mg,优选为125 $\mu$ g至500 $\mu$ g的肽或DNA,这取决于具体的肽或DNA。上述剂量范围在以前的试验中成功使用(Walter et al.,2012)。

[0311] 用于主动免疫接种的多聚核苷酸可为基本纯化形式,也可包被于载体或输送系统。核酸可能为DNA、cDNA、PNA、RNA,也可能为其组合物。这种核酸的设计和引入方法为本领域所熟知。例如,文献中有其概述(Teufel et al.,2005)。多核苷酸疫苗很容易制备,但这些载体诱导免疫反应的作用模式尚未完全了解。合适的载体和输送系统包括病毒DNA和/或RNA,如基于腺病毒、牛痘病毒、逆转录病毒、疱疹病毒、腺相关病毒或含一种以上病毒元素的混合病毒的系统。非病毒输送系统包括阳离子脂质体和阳离子聚合物,是DNA输送所属领域内熟知的系统。也可使用物理输送系统,如通过“基因枪”。肽或核酸编码的肽可以是一种融合蛋白,例如,含刺激T细胞进行上述CDR的表位。

[0312] 本发明的药物也可能包括一种或多种佐剂。佐剂是那些非特异性地增强或加强免疫反应的物质(例如,通过CD8-阳性T细胞和辅助T( $T_H$ )细胞介导的对一种抗原的免疫应答,因此被视为对本发明的药剂有用。适合的佐剂包括(但不限于)1018ISS、铝盐、**AMPLIVAX**<sup>®</sup>、AS15、BCG、CP-870,893、CpG7909、CyaA、dSLIM、鞭毛蛋白或鞭毛蛋白衍生的TLR5配体、FLT3配体、GM-CSF、IC30、IC31、咪喹莫特(**ALDARA**<sup>®</sup>)、resiquimod、ImuFact IMP321、白细胞介素IL-2、IL-13、IL-21、干扰素 $\alpha$ 或 $\beta$ ,或其聚乙二醇衍生物、IS Patch、ISS、ISCOMATRIX、ISCOMs、**JuvImmune**<sup>®</sup>、LipoVac、MALP2、MF59、单磷脂脂A、Montanide IMS1312、Montanide ISA 206、Montanide ISA 50V、Montanide ISA-51、水包油和油包水乳状液、OK-432、OM-174、OM-197-MP-EC、ONTAK、OspA、**PepTel**<sup>®</sup>载体系统、基于聚丙交酯复合乙交酯[PLG]和右旋糖苷微粒、重组人乳铁传递蛋白SRL172、病毒颗粒和其他病毒样颗粒、YF-17D、VEGF trap、R848、 $\beta$ -葡聚糖、Pam3Cys、源自皂角苷、分支杆菌提取物和细菌细胞壁合成模拟物的Aquila公司的QS21刺激子,以及其他专有佐剂,如:Ribit's Detox、Quil或Superfos。优选佐剂如:弗氏佐剂或GM-CSF。前人对一些树突状细胞特异性免疫佐剂(如MF59)及其制备方法进行了描述(Allison and Krummel,1995)。也可能使用细胞因子。一些细胞因子直接影响树突状细胞向淋巴组织迁移(如,TNF-),加速树突状细胞成熟为T淋巴细胞的有效抗原提呈细胞(如,GM-CSF、IL-1和IL-4)(美国5849589号专利,特别以其完整引用形式并入本文),并充当免疫佐剂(如IL-12、IL-15、IL-23、IL-7、IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$ )

(Gabrilovich et al., 1996)。

[0313] 据报告, CpG免疫刺激寡核苷酸可提高佐剂在疫苗中的作用。如果没有理论的约束, CpG寡核苷酸可通过Toll样受体 (TLR) (主要为TLR9) 激活先天 (非适应性) 免疫系统从而起作用。CpG引发的TLR9活化作用提高了对各种抗原的抗原特异性体液和细胞反应, 这些抗原包括肽或蛋白抗原、活病毒或被杀死的病毒、树突状细胞疫苗、自体细胞疫苗以及预防性和治疗性疫苗中的多糖结合物。更重要的是, 它会增强树突状细胞的成熟和分化, 导致 $T_H$ 细胞的活化增强以及细胞毒性T淋巴细胞 (CTL) 生成加强, 甚至CD4T细胞说明的缺失。甚至有疫苗佐剂的存在也能维持TLR9活化作用诱发的 $T_H$ 偏移, 这些佐剂如: 正常促进 $T_H$ 偏移的明矾或弗氏不完全佐剂 (IFA)。CpG寡核苷酸与以下其他佐剂或配方一起制备或联合给药时, 表现出更强的佐剂活性, 如微粒、纳米粒子、脂肪乳或类似制剂, 当抗原相对较弱时, 这些对诱发强反应尤为必要。他们还能加速免疫反应, 使抗原剂量减少约两个数量级, 在有些实验中, 对不含CpG的全剂量疫苗也能产生类似的抗体反应 (Krieg, 2006)。美国6406705B1号专利对CpG寡核苷酸、非核酸佐剂和抗原结合使用促使抗原特异性免疫反应进行了描述。一种CpG TLR9拮抗剂为Mologen公司 (德国柏林) 的dSLIM (双干环免疫调节剂), 这是本发明药物组合物的优选成分。也可使用其他如TLR结合分子, 如: RNA结合TLR7、TLR8和/或TLR9。

[0314] 其他有用的佐剂例子包括 (但不限于) 化学修饰性CpG (如CpR、Idera)、dsRNA模拟物, 如, Poly (I:C) 及其衍生物 (如: AmpliGen、Hiltonol、多聚- (ICLC)、多聚 (IC-R)、多聚 (I:C12U))、非CpG细菌性DNA或RNA以及免疫活性小分子和抗体, 如: 环磷酰胺、舒尼替单抗、贝伐单抗®、西乐葆、NCX-4016、西地那非、他达拉非、伐地那非、索拉非尼、替莫唑胺、temsirolimus、XL-999、CP-547632、帕唑帕尼、VEGF Trap、ZD2171、AZD2171、抗-CTLA4、免疫系统的其他抗体靶向性主要结构 (如: 抗-CD40、抗-TGF $\beta$ 、抗-TNF $\alpha$ 受体) 和SC58175, 这些药物都可能有治疗作用和/或充当佐剂。技术人员无需过度进行不当实验就很容易确定本发明中有用的佐剂和添加剂的数量和浓度。

[0315] 首选佐剂是抗-CD40、咪喹莫特、瑞喹莫德、GM-CSF、环磷酰胺、舒尼替尼、贝伐单抗、干扰素 $\alpha$ 、CpG寡核苷酸及衍生物、多聚 (I:C) 及衍生物、RNA、西地那非和PLG或病毒颗粒的微粒制剂。

[0316] 本发明药物组合物的一个优选实施方案中, 佐剂从含集落刺激因子制剂中选择, 如粒细胞巨噬细胞集落刺激因子 (GM-CSF, 沙格司亭)、环磷酰胺、咪喹莫特、resiquimod和干扰素- $\alpha$ 。

[0317] 本发明药物组合物的一个优选实施方案中, 佐剂从含集落刺激因子制剂中选择, 如粒细胞巨噬细胞集落刺激因子 (GM-CSF, 沙格司亭)、环磷酰胺、咪喹莫特和resiquimod。在本发明药物组合物的一个优选实施方案中, 佐剂为环磷酰胺、咪喹莫特或resiquimod。更优选的佐剂是Montanide IMS1312、Montanide ISA 206、Montanide ISA 50V、Montanide ISA-51、聚-ICLC (Hiltonol®) 和抗CD40mAB或其组合物。

[0318] 此组合药物为非肠道注射使用, 如皮下、皮内、肌肉注射, 也可口服。为此, 肽和其他选择性分子在药用载体中分解或悬浮, 优选为水载体。此外, 组合物可包含辅料, 如: 缓冲剂、结合剂、冲击剂、稀释剂、香料、润滑剂等。这些肽也可与免疫刺激物质合用, 如: 细胞因子。可用于此类组合物的更多辅料可在从A. Kibbe所著的Handbook of Pharmaceutical Excipients (Kibbe, 2000) 等书中获知。此组合药物可用于阻止、预防和/或治疗腺瘤或癌性

疾病。例如,EP2112253中有示例制剂。

[0319] 重要的是要认识到,通过本发明的疫苗引发的免疫应答在不同的细胞阶段和开发的不同阶段攻击癌症。而且不同的癌症相关信号通路被攻击。这相对于其他疫苗的优势,这些疫苗只针对一个或几个靶标,这可能会导致肿瘤很容易适应于攻击(肿瘤逃逸)。此外,并非所有的个体肿瘤都表达相同模式的抗原。因此,几个肿瘤相关肽的组合确保了每个肿瘤都承担至少一些靶标。该组合物以这样的方式设计,预期每个肿瘤可表达几种抗原并覆盖肿瘤生长和维持所需要的几种独立的途径。因此,疫苗可易于“现成的”用于较大患者群体。这意味着,预选择接受疫苗治疗的患者可限制为HLA分型,无需抗原表达的任何额外的生物标志物评估,但仍然确保多个靶标同时被诱导的免疫应答攻击,这对于疗效很重要(Banchereau et al.,2001;Walter et al.,2012)。

[0320] 本文所用的“支架”一词是指与(如抗原)决定因子特异性结合的分子。在一项实施方案中,支架是能够引导其所连接的实体(例如,(第二)抗原结合部分)至目标靶点,例如,至特定类型的肿瘤细胞或承载抗原决定簇的肿瘤基质(如根据目前申请中肽和MHC的复合体)。在另一项实施例,支架能够通过其靶抗原(例如T细胞受体复合体抗原)激活信号通路。支架包括但不限于抗体及其片段,抗体的抗原结合区,其包含抗体重链可变区和抗体轻链可变区,结合的蛋白包括至少一个锚蛋白重复序列基元和单域抗原结合(SDAB)分子、适体、(可溶)TCR和(经修饰的)细胞,例如同种异体或自体T细胞。为了评估某个分子是否是结合至靶点的支架,可进行结合测定。

[0321] “特定”结合是指,与其他天然肽-MHC复合体相比,该支架与感兴趣的肽-MHC复合体更好地结合,结合程度为,拥有能够杀死承载特定靶点细胞的活性分子的支架不能够杀死无特定靶点但提呈一个或多个其他肽-MHC复合体的另一细胞。如果交叉反应性肽-MHC的肽并不是天然的,即,并非来自人HLA-多肽组,则结合至其他肽-MHC复合体是无关紧要的。评估靶细胞杀伤的测试在本领域中是公知的。它们应该含有未改变的肽-MHC提呈的靶细胞(原发细胞或细胞系)或载有肽的细胞进行,以便达到天然肽-MHC的水平。

[0322] 各支架可包括一个标记,其通过确定是否存在或不存在卷标所提供的信号可检测到结合支架。例如,该支架可用荧光染料或任何其他适用的细胞标记分子进行标记。此类标记分子是本领域中公知的。例如,通过荧光染料进行的荧光标记可通过荧光或激光扫描显微术或流式细胞术提供结合适体的可视化。

[0323] 各支架可与第二个活性分子(例如IL-21、抗CD3、抗CD28)结合。

[0324] 关于多肽支架的进一步信息,可参阅,例如,在W0 2014/071978A1背景技术部分,并作为参考文献引用。

[0325] 本发明还涉及适体。适体(例如,参见W0 2014/191359及其中引用的文献)是短的单链核酸分子,其可以折迭为所定义的三维结构并识别特定的靶标结构。它们似乎是开发靶向治疗的合适替代方法。适体已显示可选择性与具有高亲和力和特异性的复合体靶标相结合。

[0326] 识别细胞表面分子的适体在过去十年内已经确定,并为开发诊断和治疗方法提供了手段。由于适体已显示几乎无毒性和免疫原性,因此,它们是生物医学应用中有前景的候选物质。事实上适体,例如前例腺特异性膜抗原识别适体,已被成功地用于靶向治疗并在体内模型的异种移植物中显示出功能。此外,认识到特定肿瘤细胞系的适体也已确定。

[0327] 可选择DNA适体来揭示各种癌细胞的广谱标识属性,特别是那些来自于实体瘤的细胞,而非致瘤和主要健康细胞不被识别。如果所识别的适体不仅识别肿瘤特异性子类型,而且与一系列肿瘤相互作用,这使适体适用于作为所谓的广谱诊断和治疗手段。

[0328] 此外,用流式细胞仪对细胞结合行为的研究显示,适体在纳摩尔范围内显示出很好的亲和力和。

[0329] 适体用于诊断和治疗目的。此外,也可能显示,一些适体被肿瘤细胞吸取,因而可作为抗癌剂靶向递送的分子赋形剂,例如siRNA进入肿瘤细胞。

[0330] 可选择适体针对复合体的靶标,如细胞和组织以及包含、优选包括根据任何SEQ ID NO 1至SEQ ID NO 91的一个序列、根据当前发明的肽复合体与MHC分子,使用细胞SELEX(通过指数富集的配体系统进化)技术。

[0331] 本发明中的肽可用于生成和开发出针对MHC/肽复合物的特定抗体。这些抗体可用于治疗,将毒素或放射性物质靶向病变组织。这些抗体的另一用途是为了成像之目的(如PET)将放射性核素靶向病变组织。这可有助于检测小转移灶或确定病变组织的大小和准确位置。

[0332] 因此,本发明的另一方面是提出产生特异性结合至与HLA限制性抗原络合的I或II类人主要组织相容性复合体(MHC)的一种重组抗体的方法,该方法包括:用可溶形式的与HLA限制性抗原络合的(MHC) I或II类分子对包含表达所述主要组织相容性说复合体(MHC) I或II类的基因工程非人哺乳动物进行免疫;将mRNA分子与产生所述非人哺乳动物细胞的抗体分离;产生一个噬菌体显示库,显示由所述mRNA分子编码的蛋白分子;以及将至少一个噬菌体与所述噬菌体显示库分离,所述的至少一个噬菌体显示所述抗体特异性地结合至与HLA限制性抗原络合的所述人主要组织相容性说复合体(MHC) I或II类。

[0333] 本发明的另一方面提出一种抗体,其特异性结合至与一种HLA限制性抗原络合的I或II类人主要组织相容性说复合体(MHC),其中该抗体优选为多克隆抗体、单克隆抗体、双特异性抗体和/或嵌合抗体。

[0334] 产生这种抗体和单链I类主要组织相容性复合物的相应方法,以及产生这些抗体的其他工具在WO 03/068201、WO 2004/084798、WO 01/72768、WO 03/070752以及出版物(Cohen et al.,2003a;Cohen et al.,2003b;Denkberg et al.,2003)中进行了披露,为了本发明之目的,所有参考文献通过引用被完整地并入本文。

[0335] 优选地,该抗体与复合体的结合亲和力低于20纳摩尔,优选为低于10纳摩尔,这在本发明情况下也被视为具有“特异性”。

[0336] 本发明涉及一种肽,包含选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的序列或该序列的与SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91具有88%同源性(优选为相同)的变体,或诱导T细胞与其发生交叉反应的变体,其中,所述肽不是基本的全长多肽。

[0337] 本发明进一步涉及一种肽,包含选自SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的序列、或与SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91具有至少88%同源性(优选为相同)的变体,其中所述肽或变体的总长度为8至100个、优选为8至30个、最优选为8至14个氨基酸。

[0338] 本发明进一步涉及本发明的肽,其具有与主要组织相容性复合体(MHC) I或II类分子结合的能力。

[0339] 本发明进一步涉及本发明中的肽,其中肽由或基本由根据SEQ ID NO:1至SEQ ID

N0:91的氨基酸序列组成。

[0340] 本发明进一步涉及本发明的肽,其中该肽(在化学上)被修饰和/或包含非肽键。

[0341] 本发明进一步涉及本发明的肽,其中该肽为融合蛋白的一部分,特别包括HLA-DR抗原相关不变链(Ii)的N-端氨基酸,或其中该肽与一种抗体(例如,树突状细胞特定抗体)融合。

[0342] 本发明进一步涉及一种核酸,其编码本发明所述肽,前提是该肽并非完整(完全)的人蛋白。

[0343] 本发明进一步涉及一种本发明的核酸,为DNA、cDNA、PNA、RNA或其组合。

[0344] 本发明进一步涉及一种能表达或正在表达本发明核酸的表达载体。

[0345] 本发明进一步涉及本发明的肽、本发明的核酸或本发明的表达载体在药物中的用途,特别是用于治疗头颈鳞状细胞癌。

[0346] 本发明进一步涉及含本发明核酸或本发明表达载体的宿主细胞。

[0347] 本发明进一步涉及本发明的宿主细胞,其为抗原提呈细胞,优选为树突细胞。

[0348] 本发明进一步涉及制备本发明肽的方法,所述方法包括培养本发明的宿主细胞以及从所述宿主细胞或其培养基中分离肽。

[0349] 本发明进一步涉及本发明中的方法,其中通过使足量的抗原与抗原提呈细胞接触,抗原被载在表达于合适抗原提呈细胞或人工抗原呈递细胞表面的I或II类MHC分子上。

[0350] 本发明进一步涉及本发明的方法,其中该抗原提呈细胞包括一个表达载体,该载体有能力表达含SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91或其变体氨基酸序列的肽。

[0351] 本发明进一步涉及以本发明方法制造的激活的T细胞,其中所述T细胞有选择性地识别一种细胞,该细胞异常表达含本发明氨基酸序列的多肽。

[0352] 本发明进一步涉及一种杀伤患者靶细胞的方法,其中患者的靶细胞异常表达含本发明任何氨基酸序列的多肽,该方法包括给予患者有效量的本发明T细胞。

[0353] 本发明进一步涉及本发明的任意肽、本发明的核酸、本发明的表达载体、本发明的细胞、本发明的激活细胞毒性T淋巴细胞作为药物或在制造药物中的用途。本发明进一步涉及本发明的用途,其中药剂可有效抗癌。

[0354] 本发明进一步涉及本发明的用途,其中该药剂为一种疫苗。本发明进一步涉及一种本发明的用途,其中药剂可有效抗癌。

[0355] 本发明进一步涉及本发明中的用途,其中所述癌细胞为头颈鳞状细胞癌细胞或其他实体或血液肿瘤细胞,如急性骨髓性白血病、乳腺癌、胆管癌、脑癌、慢性淋巴细胞性白血病、结直肠癌、食管癌、胆囊癌、胃癌、肝细胞癌、黑色素瘤、非霍奇金淋巴瘤、非小细胞肺癌、卵巢癌、胰腺癌、前列腺癌、肾细胞癌、小细胞肺癌、膀胱癌、子宫癌细胞。

[0356] 本发明进一步涉及一种基于本发明肽的特定标志物蛋白和生物标志物,在此称为“靶标”,其可用于诊断和/或判断头颈鳞状细胞癌的预后。本发明还涉及这些新靶点在癌症治疗中的用途。

[0357] 本文中术语“抗体”为广义上的定义,既包括多克隆也包括单克隆抗体。除了完整或“全部”的免疫球蛋白分子,“抗体”这一术语还包括这些免疫球蛋白分子和人源化免疫球蛋白分子的片段(如,CDR、Fv、Fab和Fc片段)或聚合物,只要它们表现出本发明的任何期望属性(例如,头颈鳞状细胞癌标志物(多)肽的特异性结合、将毒素传递给癌症标志物基因表

达水平增加时的头颈鳞状细胞癌细胞和/或抑制头颈鳞状细胞癌标志物多肽的活性)。

[0358] 只要有可能,本发明的抗体可从商业来源购买。本发明的抗体也可能使用已知的方法制得。技术人员会了解全长头颈鳞状细胞癌标志物多肽或其片段可用于制备本发明的抗体。用于产生本发明抗体的多肽可部分或全部地由天然源经纯化而得,也可利用重组DNA技术生产。

[0359] 例如,本发明的编码肽的cDNA,例如,该肽为根据SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91多肽的肽,或其中一个变体或片段,可在原核细胞中(如:细菌)或真核细胞(如:酵母、昆虫或哺乳动物细胞)中表达,之后,可纯化重组蛋白,并用于产生一种特异性结合用于产生本发明抗体的头颈鳞状细胞癌标志物多肽的单克隆或多克隆抗体制剂。

[0360] 本领域的技术人员会认识到,两种或两种以上不同集合的单克隆抗体或多克隆抗体能最大限度地增加获得一种含预期用途所需的特异性和亲和力(例如,ELISA法、免疫组织化学、体内成像、免疫毒素疗法)的抗体的可能性。根据抗体的用途,用已知的方法对其期望活性进行测试(例如,ELISA法、免疫组织化学、免疫治疗等;要获取产生和测试抗体的进一步指导,请参阅,例如,Greenfield,2014(Greenfield,2014))。例如,该抗体可用ELISA法或免疫印迹法、免疫组织化学染色福尔马林固定的癌组织或冰冻的组织切片进行检测。在初次体外表征后,用于治疗或体内诊断用途的抗体根据已知的临床测试方法进行检测。

[0361] 此处使用的术语“单克隆抗体”是指从大量同质抗体中获得的一种抗体,即,由相同的抗体组成的抗体群,但可能少量提呈的自然突变除外。此处所述的单克隆抗体具体包括嵌合“抗体,其中一部分重链和/或轻链与从特定物种中获得的抗体或属于特定抗体类型和分类型抗体的相应序列相同(同质),同时,剩余链与从其他物种中获得的抗体或属于特定抗体类型和子类型抗体的相应序列以及这些抗体的片段相同(同质),只要他们表现出预期的拮抗活性(美国4816567号专利,其在此以其整体并入)。

[0362] 本发明的单克隆抗体可能使用杂交瘤方法制得。在杂交瘤方法中,老鼠或其他适当的宿主动物,通常用免疫制剂以引发产生或能产生将特异性结合至免疫制剂的抗体。或者,淋巴细胞可在体外进行免疫。

[0363] 单克隆抗体也可由DNA重组方法制得,如:美国4816567号专利所述。编码本发明单克隆抗体的DNA可很容易地使用传统程序进行分离和测序(例如:通过使用能与编码鼠抗体重链和轻链的基因特异性结合的寡核苷酸探针)。

[0364] 体外方法也适用于制备单价抗体。抗体消化以产生抗体的片段,尤其是Fab片段,可以通过使用本领域已知的常规技术完成。例如,可以通过使用木瓜蛋白酶完成消化。木瓜蛋白酶消化的实施例在WO 94/29348和美国4342566号专利中有描述。抗体的木瓜蛋白酶消化通常产生两种相同的抗原结合性片段,称为Fab片段(每个片段都有一个抗原结合点)和残余Fc片段。胃蛋白酶处理产生一个F(ab')<sub>2</sub>片段和一个pFc'片段。

[0365] 抗体片段,不论其是否附着于其他序列,均可包括特定区域或特定氨基酸残基的插入、删除、替换、或其他选择性修饰,但前提是,片段的活性与非修饰的抗体或抗体片段相比没有显著的改变或损害。这些修饰可提供一些额外的属性,如:删除/添加可与二硫键结合的氨基酸,以增加其生物寿命、改变其分泌特性等。在任何情况下,抗体片段必须拥有生物活性的特性,如:结合活性、调节结合域的结合力等。抗体的功能性或活性区域可通过蛋白特定区域的基因突变、随后表达和测试所表达的多肽进行确定。这些方法为本行业技术



人员所熟知,可包括编码抗体片段的核酸的特定定位点基因突变。

[0366] 本发明的抗体可进一步包括人源化抗体或人抗体。非人(如:鼠)抗体的人源化形式为嵌合抗体免疫球蛋白、免疫球蛋白链或其片段(如:Fv、Fab、Fab'或抗体的其他抗原结合序列),其中包含从非人免疫球蛋白中获得的最小序列。人源化抗体包括人免疫球蛋白(受体抗体),其中来自受体互补决定区(CDR)的残基被来自非人物种(供体抗体)(如具有与其特异性、亲和力和能力的小鼠、大鼠或兔子)CDR的残基取代。在某些情况下,人类免疫球蛋白的Fv框架(FR)残基被相应的非人残基取代。人源化抗体可能还包括既非受体抗体、也非输入CDR或框架序列中发现的残基。一般来说,人源化抗体将包括几乎所有的至少一个、通常为二个可变域,其中,全部或几乎全部的CDR区域均对应于非人免疫球蛋白的区域并且全部或几乎全部的FR区域均为免疫球蛋白相同序列的区域。理想情况是,人源化抗体还将包括至少免疫球蛋白恒定区(Fc)的一部分,通常是免疫球蛋白的恒定区的一部分。

[0367] 人源化非人抗体的方法为本行业所熟知。一般来说,人源化抗体具有一个或多个从非人源头引入的氨基酸残基。这些非人氨基酸残基往往被称为“输入”残基,通常从“输入”可变域中获得。人源化基本上可以通过将啮齿动物CDR或CDR序列取代为相应的人抗体序列而完成。因此,这种“人源化”抗体为嵌合抗体(美国4816567号专利),其中大大少于完整的人可变域被来自于非人物种的相应序列取代。在实践中,人源化抗体通常为人抗体,其中有些CDR残基以及可能的一些FR残基被来自啮齿动物抗体中的类似位点的残基取代。

[0368] 可使用免疫后在内源性免疫球蛋白产生缺失时能产生完整人抗体的转基因动物(如:小鼠)。例如,它被描述为,嵌合和种系突变小鼠中的抗体重链连接区域基因的纯合性缺失导致内源性抗体生成的完全抑制。在此种系变种小鼠中人种系免疫球蛋白基因数组的转移在抗原挑战后将导致人抗体的生成。人抗体也可在噬菌体展示库中产生。

[0369] 本发明的抗体优选为通过药用载体的形式给予受试者。通常,在制剂中使用适量的药用盐,以使制剂等渗。药用载体的例子包括生理盐水、林格氏液和葡萄糖溶液。溶液的pH值优选为约5至8,更优选为约7至7.5。此外,载体还包括缓释制剂,如:含有抗体的固体疏水性聚合物半透性基质,其中基质为有形物品形式,如:薄膜、脂质体或微粒。本行业的技术人员熟知,某些载体可能为更优选,取决于例如,抗体的给药途径和浓度。

[0370] 该抗体可通过注射(如:静脉内、腹腔内、皮下、肌肉内)或通过输注等其他方法给予受试者、患者或细胞,确保其以有效的形式传输到血液中。这些抗体也可以通过瘤内或瘤周途径给予,从而发挥局部和全身的治疗作用。局部或静脉注射为优选。

[0371] 抗体给药的有效剂量和时间表可根据经验确定,并且作出此类决定属本行业的技术范围内。本行业的技术人员会明白,必须给予的抗体剂量根据以下因素会有所不同,例如:接受抗体的受试者、给药途径、使用的抗体以及其他正在使用的药物的特定类型。单独使用的抗体的通常日剂量可能为约1 $\mu$ g/kg至最多100mg/kg体重或更多,这取决于上述因素。给予抗体,优选为治疗头颈鳞状细胞癌后,治疗抗体的疗效可通过技术人员熟知的不同方法评估。例如:接受治疗的受试者癌症的大小、数量和/或分布可使用标准肿瘤成像技术进行监测。因治疗而给予的抗体与不给予抗体时的病程相比,可阻止肿瘤生长、导致肿瘤缩小、和/或阻止新肿瘤的发展,这样的抗体是一种有效治疗癌症的抗体。

[0372] 本发明的另一方面提出了制备识别特异性肽-MHC复合物的可溶性T细胞受体(sTCR)的一种方法。这种可溶性T细胞受体可从特异性T细胞克隆中产生,并且它们的亲和

力可以通过互补决定区靶向诱变而增加。为了T细胞受体选择之目的,可以使用噬菌体展示(美国2010/0113300, (Liddy et al., 2012))。为了在噬菌体展示期间以及实际使用为药物时稳定T细胞受体之目的,可通过非天然二硫键、其他共价键(单链T细胞受体)或通过二聚化结构域连接 $\alpha$ 和 $\beta$ 链(Boulter et al., 2003; Card et al., 2004; Willcox et al., 1999)。T细胞受体可以连接到毒素、药物、细胞因子(参见US 2013/0115191)、域招募效应细胞,如抗CD3域等,以便对靶细胞执行特定的功能。此外,它可能表达于用于过继转移的T细胞。进一步的信息可在WO 2004/033685A1和WO 2004/074322A1中找到。sTCR的组合在WO 2012/056407A1中进行了描述。WO 2013/057586A1中公开了制备的进一步的方法。

[0373] 此外,可用本发明的肽和/或TCR或抗体或其他结合分子在活检样本的基础上验证病理师对癌症的诊断。

[0374] 该抗体或TCR也可用于体内诊断实验。一般来说,抗体用放射性核素标记(如: $^{111}\text{In}$ 、 $^{99}\text{Tc}$ 、 $^{14}\text{C}$ 、 $^{131}\text{I}$ 、 $^3\text{H}$ 、 $^{32}\text{P}$ 或 $^{35}\text{S}$ ),从而可免疫闪烁扫描法使肿瘤局限化。在一实施方案中,其中的抗体或片段与两个或两个以上选自包括上述蛋白的组的蛋白质靶目标细胞外域结合,并且亲和力值(Kd)低于 $1 \times 10 \mu\text{M}$ 。

[0375] 诊断用抗体可通过各种影像学方法使用适合检测的探针进行标记。探针检测方法包括但不限于,荧光、光、共聚焦和电镜方法;磁共振成像和光谱学技术;透视、计算机断层扫描和正电子发射断层扫描。合适的探针包括但不限于,荧光素、罗丹明、曙红及其它荧光团、放射性同位素、黄金、钆和其他稀土、顺磁铁、氟-18和其他正电子发射放射性核素。此外,探针可能是双功能或多功能的,并且用一种以上的上述方法可进行检测。这些抗体可用所述的探针直接或间接进行标记。抗体探针的连接,包括探针的共价连接、将探针融合入抗体、以及螯合化合物的共价连接从而结合探针、以及其他本行业熟知的方法。对于免疫组织化学方法,疾病组织样本可能是新鲜或冷冻或可能包埋于石蜡中以及用福尔马林等防腐剂固定。固定或包埋的切片包括与标记一抗和二抗接触的样本,其中该抗体用于检测原位蛋白的表达。

[0376] 本发明的另一方面包括一种体外制备激活的T细胞的方法,该方法包括将T细胞与载有抗原的人MHC分子在体外接触足够的一段时间,这些分子在合适的抗原提呈细胞表面表达,从而以抗原特异性方式激活T细胞,其中所述抗原为根据本发明所述的一种肽。优选情况是足够量的抗原与抗原提呈细胞一同使用。

[0377] 优选情况是,哺乳动物细胞的TAP肽转运载体缺乏或水平下降或功能降低。缺乏TAP肽转运载体的适合细胞包括T2、RMA-S和果蝇细胞。TAP是与抗原加工相关的转运载体。

[0378] 人体肽载入的缺陷细胞株T2从属美国菌种保藏中心(ATCC, 12301 Parklawn Drive, Rockville, 马里兰州20852, 美国)目录号CRL1992;果蝇细胞株Schneider 2号株从属ATCC目录CRL 19863;小鼠RMA-S细胞株Ljunggren等人描述过(Ljunggren and Karre, 1985)。

[0379] 优选情况是,宿主细胞在转染前基本上不表达MHC I类分子。刺激因子细胞还优选为表达对T细胞共刺激信号起到重要作用的分子,如,B7.1、B7.2、ICAM-1和LFA 3中的任一种分子。大量MHC I类分子和共刺激分子的核酸序列可从GenBank和EMBL数据库中公开获得。

[0380] 当MHC I类表位用作一种抗原时,T细胞为CD8阳性T细胞。

[0381] 如果抗原提呈细胞受到转染而表达这种表位,则优选的细胞包括一个表达载体,该载体有能力表达含SEQ ID NO:1至SEQ ID NO:91的肽或变体氨基酸序列。

[0382] 可使用其他一些方法来体外生成T细胞。例如,自体肿瘤浸润性淋巴细胞可用于生成CTL。Plebanski等人在(Plebanski et al.,1995)使用自体外周血淋巴细胞(PLB)制得T细胞。另外,也可能用肽或多肽脉冲处理树突状细胞或通过重组病毒感染而制成自体T细胞。此外,B细胞可用于制备自体T细胞。此外,用肽或多肽脉冲处理或用重组病毒感染的巨噬细胞可用于配制自体T细胞。S.Walter等人在(Walter et al.,2003)中描述了通过使用人工抗原提呈细胞(aAPC)体外激活T细胞,这也是生成作用于所选肽的T细胞的一种合适方法。在本发明中,根据生物素:链霉素生物化学方法通过将预制的MHC:肽复合物耦合到聚苯乙烯颗粒(微球)而生成aAPC。该系统实现了对aAPC上的MHC密度进行精确调节,这使得可以在血液样本中选择地引发高或低亲合力的高效抗原特异性T细胞反应。除了MHC:肽复合物外,aAPC还应携运含共刺激活性的其他蛋白,如耦合至表面的抗-CD28抗体。此外,此类基于aAPC的系统往往需要加入适当的可溶性因子,例如,诸如白细胞介素12的细胞因子。

[0383] 也可用同种异体细胞制得T细胞,在WO 97/26328中详细描述了一种方法,以参考文献方式并入本文。例如,除了果蝇细胞和T2细胞,也可用其他细胞来提呈肽,如CHO细胞、杆状病毒感染的昆虫细胞、细菌、酵母、牛痘感染的靶细胞。此外,也可使用植物病毒(例如,参阅Porta等人在(Porta et al.,1994)中描述了将豇豆花叶病毒开发为一种提呈外来肽的高产系统。

[0384] 被激活的T细胞直接针对本发明中的肽,有助于治疗。因此,本发明的另一方面提出了用本发明前述方法制得的激活T细胞。

[0385] 按上述方法制成的激活T细胞将会有选择性地识别异常表达含SEQ ID NO:1至SEQ ID NO 91氨基酸序列的多肽。

[0386] 优选情况是,T细胞通过与其含HLA/肽复合物的TCR相互作用(如,结合)而识别该细胞。T细胞是杀伤患者靶细胞方法中有用的细胞,其靶细胞异常表达含本发明中氨基酸序列的多肽。此类患者给予有效量的激活T细胞。给予患者的T细胞可能源自该患者,并按上述方法激活(即,它们为自体T细胞)。或者,T细胞不是源自该患者,而是来自另一个人。当然,优选情况是该供体为健康人。发明人使用“健康个体”是指一个人一般状况良好,优选为免疫系统合格,更优选为无任何可很容易测试或检测到的疾病。

[0387] 根据本发明,CD8-阳性T细胞的体内靶细胞可为肿瘤细胞(有时表达MHC-II类抗原)和/或肿瘤周围的基质细胞(肿瘤细胞)(有时也表达MHC-II类抗原;(Dengjel et al.,2006))。

[0388] 本发明所述的T细胞可用作治疗性组合物中的活性成分。因此,本发明也提出了一种杀伤患者靶细胞的方法,其中患者的靶细胞异常表达含本发明中氨基酸序列的多肽,该方法包括给予患者上述有效量的T细胞。

[0389] 发明人所用的“异常表达”的意思还包括,与正常组织表达水平相比,多肽过量表达,或该基因在肿瘤起源的组织中未表达而在肿瘤中表达。“过量表达”是指多肽水平至少为正常组织中的1.2倍;优选为至少为正常组织中的2倍,更优选为至少5或10倍。

[0390] T细胞可用本领域已知的方法制得(如,上述方法)。

[0391] T细胞继转移方案为本领域所熟知的方案。综述可发现于:Gattioni et al.和

Morgan et al. (Gattinoni et al., 2006; Morgan et al., 2006)。

[0392] 本发明的另一个方面包括使用与MHC复合的肽,以生成T细胞受体,其核酸被克隆并被引入至宿主细胞,优选为T细胞。然后,该通过基因工程改变的T细胞可转给患者用于癌症治疗。

[0393] 本发明的任一分子(即肽、核酸、抗体、表达载体、细胞,激活T细胞、T细胞受体或编码核酸)都有益于治疗疾病,其特点在于细胞逃避免疫反应的打击。因此,本发明的任一分子都可用作药剂或用于制造药剂。这种分子可单独使用也可与本发明中的其他分子或已知分子联合使用。

[0394] 本发明还涉及一种试剂盒,其包括:

[0395] (a) 一个容器,包含上述溶液或冻干粉形式的药物组合物;

[0396] (b) 可选的第二个容器,其含有冻干粉剂型的稀释剂或重构液;和

[0397] (c) 可选的(i) 溶液使用或(ii) 重构和/或使用冻干制剂的说明。

[0398] 该试剂盒还步包括一个或多个(iii) 缓冲剂, (iv) 稀释剂, (v) 过滤液, (vi) 针, 或 (v) 注射器。容器最好是瓶子、小瓶、注射器或试管,可以为多用途容器。药物组合物最好是冻干的。

[0399] 本发明中的试剂盒优选包含一种置于合适容器中的冻干制剂以及重组和/或使用说明。适当的容器包括,例如瓶子、西林瓶(如双室瓶)、注射器(如双室注射器)和试管。该容器可能由多种材料制成,如玻璃或塑料。试剂盒和/或容器最好有容器或关于容器的说明书,指明重组和/或使用方向。例如,标签可能表明冻干剂型将重组为上述肽浓度。该标签可进一步表明制剂用于皮下注射。

[0400] 存放制剂的容器可使用多用途西林瓶,使得可重复给予(例如,2-6次)重组剂型。该试剂盒可进一步包括装有合适稀释剂(如碳酸氢钠溶液)的第二个容器。

[0401] 稀释液和冻干制剂混合后,重组制剂中的肽终浓度优选为至少0.15mg/mL/肽(=75 $\mu$ g),不超过3mg/mL/肽(=1500 $\mu$ g)。该试剂盒还可包括商业和用户角度来说可取的其他材料,包括其他缓冲剂、稀释剂,过滤液、针头、注射器和带有使用说明书的包装插页。

[0402] 本发明中的试剂盒可能有一个单独的容器,其中包含本发明所述的药物组合物制剂,该制剂可有其他成分(例如,其他化合物或及其药物组合物),也可无其他成分,或者每种成分都有其不同容器。

[0403] 优选情况是,本发明的试剂盒包括与本发明的一种制剂,包装后与第二种化合物(如佐剂(例如GM-CSF)、化疗药物、天然产品、激素或拮抗剂、抗血管生成剂或抑制剂、凋亡诱导剂或螯合剂)或其药物组合物联合使用。该试剂盒的成分可进行预络合或每种成分在给予患者之前可放置于单独的不同容器。该试剂盒的成分可以是一种或多种溶液,优选为水溶液,更优选为无菌水溶液。该试剂盒的成分也可为固体形式,加入合适的溶剂后转换为液体,最好放置于另一个不同的容器中。

[0404] 治疗试剂盒的容器可能为西林瓶、试管、烧瓶、瓶子、注射器、或任何其他盛装固体或液体的工具。通常,当成分不只一种时,试剂盒将包含第二个西林瓶或其他容器,使之可以单独定量。该试剂盒还可能包含另一个装载药用液体的容器。优选情况是,治疗试剂盒将包含一个设备(如,一个或多个针头、注射器、滴眼器、吸液管等),使得可注射本发明的药物(本试剂盒的组合物)。

[0405] 本发明的药物配方适合以任何可接受的途径进行肽给药,如口服(肠道)、鼻内、眼内、皮下、皮内、肌内,静脉或经皮给药。优选为皮下给药,最优选为皮内给药,也可通过输液泵给药。

[0406] 由于本发明的肽从头颈鳞状细胞癌中分离而得,因此,本发明的药剂优选用于治疗头颈鳞状细胞癌。

[0407] 本发明进一步涉及为个体患者制备个体化药物的一种方法,其中包括:制造含选自预筛选TUMAP存储库至少一种肽的药物组合物,其中药物组合物中所用的至少一种肽选择为适合于个体患者。在一项实施方案中,药物组合物为一种疫苗。该方法也可以改动以产生下游应用的T细胞克隆物,如:TCR隔离物或可溶性抗体和其他治疗选择。

[0408] “个体化药物”是指专门针对个体患者的治疗,将仅用于该等个体患者,包括个体化活性癌症疫苗以及使用自体组织的过继细胞疗法。

[0409] 如本文所述,“存储库”应指已经接受免疫原性预筛查和/或在特定肿瘤类型中过量提呈的一组或一系列肽。“存储库”一词并不暗示,疫苗中包括的特定肽已预先制造并储存于物理设备中,虽然预期有这种可能性。明确预期所述肽可以用于新制造每种个体化疫苗,也可能被预先制造和储存。存储库(例如,数据库形式)由肿瘤相关肽组成,其在各种HLA-A HLA-B和HLA-C等位基因头颈鳞状细胞癌患者的肿瘤组织中高度过度表达。其可能含有包括MHC I类和MHC II类肽或延长的MHC I类肽。除了从几种头颈鳞状细胞癌组织中采集的肿瘤相关肽外,存储库还可能包含HLA-A\*02和HLA-A\*24标记肽。这些肽可对TUMAP诱导的T细胞免疫进行量化比较,从而可得出疫苗抗肿瘤反应能力的重要结论。其次,在没有观察到来自患者“自身”抗原TUMAP的任何疫苗诱导的T细胞反应时,它们可作为来自“非自身”抗原的重要阳性对照肽。第三,它还可对患者的免疫功能状态得出结论。

[0410] 存储库的TUMAP通过使用一种功能基因组学方法进行鉴定,该方法结合了基因表达分析、质谱法和T细胞免疫学(XPresident®)。该方法确保了只选择真实存在于高百分比肿瘤但在正常组织中不表达或仅很少量表达的TUMAP用于进一步分析。对于初始肽的选择,患者头颈鳞状细胞癌样本和健康供体的血液以循序渐进的方法进行分析:

[0411] 1. 肿瘤材料的HLA配体用质谱法确定;

[0412] 2. 使用全基因组信使核糖核酸(mRNA)表达分析法用于确定恶性肿瘤组织(小细胞肺癌)与一系列正常器官和组织相比过度表达的基因;

[0413] 3. 确定的HLA配体与基因表达数据进行比较。肿瘤组织上过度提呈或选择性提呈的肽,优选为第2步中检测到的选择性表达或过量表达基因所编码的考虑为多肽疫苗的合适候选TUMAP;

[0414] 4. 文献检索以确定更多证据以支持确认为TUMAP的肽的相关性;

[0415] 5. mRNA水平过度表达的相关性通过由第3步选定的在肿瘤组织上的TUMAP的重新检测以及在健康组织上的缺乏(或低频率)而确定;

[0416] 6. 为了评估通过选定的肽诱导体内T细胞反应是否可行,使用健康供体以及小细胞肺癌患者的人T细胞进行体外免疫原性测定。

[0417] 一方面,在将所述肽加入存储库之前,对其进行筛查以了解免疫原性。举例来说(但不限于此),纳入存储库的肽的免疫原性的确定方法包括体外T细胞激活,具体为:用装载肽/MHC复合物的人工抗原提呈细胞和抗CD28抗体反复刺激来自健康供体的CD8<sup>+</sup> T细胞。

[0418] 这种方法优选用于罕见癌症以及有罕见表达谱的患者。与含目前开发为固定组分的多肽鸡尾酒相反的是,存储库可将肿瘤中抗原的实际表达于疫苗进行更高层次的匹配。在多目标方法中,每名患者将使用几种“现成”肽的选定单一肽或组合。理论上来说,基于从50抗原肽库中选择例如5种不同抗原肽的一种方法可提供大约170万种可能的药物产品(DP)组分。

[0419] 在一方面,使用本发明此处或后文所述的方法,基于个体患者的适合性,选择所述肽以包含在疫苗中。

[0420] HLA表型、转录和肽组学资料从患者的肿瘤材料和血液样本中收集,以确定最合适每名患者且含有“存储库”和患者独特(即突变)TUMAP的肽。将选择的那些肽选择性地或过度表达于患者肿瘤中,并且可能的情况下,如果用患者个体PBMC进行检测,则表现出很强的体外免疫原性。

[0421] 优选的情况是,疫苗所包括的肽的一种确定方法包括:(a)识别由来自个体患者肿瘤样本提呈的肿瘤相关肽(TUMAP);(b)将(a)中鉴定的肽与上述肽的存储库(数据库)进行比对;且(c)从存储库(数据库)中选择与患者中确定的肿瘤相关肽相关的至少一种肽。例如,肿瘤样本提呈的TUMAP的鉴定方法有:(a1)将来自肿瘤样本的表达数据与所述肿瘤样本组织类型相对应的正常组织样本的表达数据相比对,以识别肿瘤组织中过量表达或异常表达的蛋白;以及(a2)将表达数据与结合到肿瘤样本中I类MHC和/或II类分子的MHC配体序列相关联,以确定来源于肿瘤过量表达或异常表达的蛋白质的MHC配体。优选情况是,MHC配体的序列的确定方法是:洗脱来自肿瘤样本分离的MHC分子结合肽,并对洗脱配体进行测序。优选情况是,肿瘤样本和正常组织从同一患者获得。

[0422] 除了使用存储库(数据库)模型选择肽以外,或作为一种替代方法,TUMAP可能在新患者中进行鉴定,然后列入疫苗中。作为一种实施例,患者中的候选TUMAP可通过以下方法进行鉴定:(a1)将来自肿瘤样本的表达数据与所述肿瘤样本组织类型相对应的正常组织样本的表达数据相比对,以识别肿瘤组织中过量表达或异常表达的蛋白;以及(a2)将表达数据与结合到肿瘤样本中I类MHC和/或II类分子的MHC配体序列想关联,以确定来源于肿瘤过量表达或异常表达的蛋白质的MHC配体。作为另一实施例,蛋白的鉴定方法为可包含突变,其对于肿瘤样本相对于个体患者的相应正常组织是独特的,并且TUMAP可通过特异性靶向作用于变异来鉴定。例如,肿瘤以及相应正常组织的基因组可通过全基因组测序方法进行测序:为了发现基因蛋白质编码区域的非同义突变,从肿瘤组织中萃取基因组DNA和RNA,从外周血单核细胞(PBMC)中提取正常非突变基因组种系DNA。运用的NGS方法只限于蛋白编码区的重测序(外显子组重测序)。为了这一目的,使用供货商提供的靶序列富集试剂盒来捕获来自人样本的外显子DNA,随后使用HiSeq2000(Illumina公司)进行测序。此外,对肿瘤的mRNA进行测序,以直接定量基因表达,并确认突变基因在患者肿瘤中表达。得到的数以百万计的序列读数通过软件算法处理。输出列表中包含突变和基因表达。肿瘤特异性体突变通过与PBMC衍生的种系变化比较来确定,并进行优化。然后,为了存储库可能测试新确定的肽了解如上所述的免疫原性,并且选择具有合适免疫原性的候选TUMAP用于疫苗。

[0423] 在一个示范实施方案中,疫苗中所含肽通过以下方法确定:(a)用上述方法识别由个体患者肿瘤样本提呈的肿瘤相关肽(TUMAP);(b)将(a)中鉴定的肽与肿瘤中(与相应的正常组织相比)经过免疫原性和过量提呈预筛查的肽库进行比对;(c)从存储库中选择与患者

中确定的肿瘤相关肽相关的至少一种肽;及(d)可选地选择至少一种在(a)中新确定的肽,确认其免疫原性。

[0424] 在一个示范实施方式中,疫苗中所含肽通过以下方法确定:(a)识别由来自个体患者肿瘤样本提呈的肿瘤相关肽(TUMAP);以及(b)在(a)中选择至少一种新确定的肽,并确认其免疫原性。

[0425] 一旦选定了用于个体化肽疫苗的肽时,则产生疫苗。该疫苗优选为一种液体制剂,包括溶解于20-40%DMSO之间,优选为约30-35%DMSO,例如,约33%DMSO中的个体肽。

[0426] 列入产品的每种肽都溶于DMSO中。单个肽溶液浓度的选择取决于要列入产品中的肽的数量。单肽-DMSO溶液均等混合,以实现一种溶液中包含所有的肽,且浓度为每肽~2.5mg/ml。然后该混合溶液按照1:3比例用注射用水进行稀释,以达到在33%DMSO中每肽0.826mg/ml的浓度。稀释的溶液通过0.22 $\mu$ m无菌筛检程序进行过滤。从而获得最终本体溶液。

[0427] 最终本体溶液填充到小瓶中,在使用前储存于-20℃下。一个小瓶包含700 $\mu$ L溶液,其中每种肽含有0.578mg。其中的500 $\mu$ L(每种肽约400 $\mu$ g)将用于皮内注射。

[0428] 本发明的肽除了用于治疗癌症,也可用于诊断。由于肽由头颈鳞状细胞癌细胞产生,并且已确定这些肽在正常组织中不存在或水平较低,因此这些肽可用于诊断癌症是否存在。

[0429] 血液样本中组织活检物含权利要求的肽,可有助于病理师诊断癌症。用抗体、质谱或其他本领域内已知的方法检测某些肽可使病理师判断该组织样本为恶性的还是炎症或一般病变,也可用作头颈鳞状细胞癌的生物标志物。肽基团的提呈使得能对病变组织进行分类或进一步分成子类。

[0430] 对病变标本中肽的检测使得能对免疫系统治疗方法的利益进行判断,特别是如果T-淋巴细胞已知或预计与作用机制有关。MHC表达的缺失是一种机制,充分说明了哪些受感染的恶性细胞逃避了免疫监视。因此,肽的提呈表明,分析过的细胞并没有利用这种机制。

[0431] 本发明的肽可用于分析淋巴细胞对肽的反应(如T细胞反应),或抗体对肽或MHC分子络合的肽发生的反应。这些淋巴细胞反应可以作为预后指标,决定是否采取进一步的治疗。这些反应也可以用作免疫疗法中的替代反应指标,旨在以不同方式诱导淋巴细胞反应,如接种蛋白疫苗、核酸、自体材料、淋巴细胞过继转移。基因治疗中,淋巴细胞对肽发生的反应可以在副作用的评估中考虑。淋巴细胞反应监测也可能成为移植疗法随访检查中的一种有价值的工具,如,用于检测移植物抗宿主和宿主抗移植物疾病。

[0432] 下列描述优选方案的实施例将对本发明进行说明,并参照随附图表(但是不限于此)。考虑到本发明的目的,文中引用的所有参考文献通过引用的方式并入在本文中。

## 附图说明

[0433] 图1A至1D显示了正常组织(白色柱)和头颈鳞状细胞癌(黑色柱)中各种肽的过量提呈。图1A)基因符号:KRT6C、KRT6A、KRT6B,肽:GLAGGFGGPGFPV(SEQ ID NO.:1);从左至右的组织:6脂肪组织,8肾上腺,1胆管,24血细胞,15血管,10骨髓,15大脑,7乳房,11食管,2眼睛,6胆囊,16心脏,17肾脏,27大肠,24肝,49肺,7淋巴结,12神经,5卵巢,15胰腺,6甲状旁腺,3腹膜,7垂体腺,10胎盘,3胸膜,11前列腺,9骨骼肌,11皮肤,16小肠,13脾,9胃,8睾丸,3

胸腺,8甲状腺,18气管,7输尿管,8膀胱,6子宫,12头颈部,17HNSCC。图1B) 基因符号:KRT、KRT6A、KRT6B,肽:SLYGLGGSKRISI (SEQ ID NO.:3);从左至右的组织:6脂肪组织,8肾上腺,1胆管,24血细胞,15血管,10骨髓,15大脑,7乳房,11食管,2眼睛,6胆囊,16心脏,17肾脏,27大肠,24肝,49肺,7淋巴结,12神经,5卵巢,15胰腺,6甲状旁腺,3腹膜,7垂体腺,10胎盘,3胸膜,11前列腺,9骨骼肌,11皮肤,16小肠,13脾,9胃,8睾丸,3胸腺,8甲状腺,18气管,7输尿管,8膀胱,6子宫,12头颈部,17HNSCC。图1C) 基因符号:KRT5,肽:STASAITPSV (SEQ ID NO.:9);从左至右的组织:6脂肪组织,8肾上腺,1胆管,24血细胞,15血管,10骨髓,15大脑,7乳房,11食管,2眼睛,6胆囊,16心脏,17肾脏,27大肠,24肝,49肺,7淋巴结,12神经,5卵巢,15胰腺,6甲状旁腺,3腹膜,7垂体腺,10胎盘,3胸膜,11前列腺,9骨骼肌,11皮肤,16小肠,13脾,9胃,8睾丸,3胸腺,8甲状腺,18气管,7输尿管,8膀胱,6子宫,12头颈部,17HNSCC。图1D) 基因符号:SLC25A3,肽:FVAGYIAGV (SEQ ID NO.:61);从左至右的组织:3细胞系(2肾脏,1胰腺),7正常组织(1肾上腺,1结肠,2淋巴结,1胎盘,2脾),36癌组织(5白细胞白血病,3脑癌,1食管癌,1胆囊癌,5头颈癌,1肾癌,1肝癌,8肺癌,4淋巴结癌,3卵巢癌,2胃癌)。图1E至1Q显示了各种肽在不同癌症组织中的过度提呈(黑点)。上面部分:根据技术重复测量值的中值MS信号强度绘制为点,单一HLA-A\*02阳性正常组织为灰色点,检测到该肽的肿瘤样本为黑点。肿瘤和正常样本按照器官起源分组,箱须图代表了多个样本归一化信号强度的中位数,第25和第75百分位(箱)以及最小值和最大值(须)。正常器官根据风险类别排列顺序(血细胞、血管、脑、肝、肺:高风险,灰色点;生殖器官、乳腺、前列腺:低风险,灰色点;所有其他器官:中等风险;灰色点)。下面部分:每个器官的相对肽检测频率显示为脊柱图。图表下面的数字表示每个器官分析的总样本数中检测到肽的样本数(正常样本N=526,肿瘤样本N=562)。如果在一个样本上检测到肽,但因技术原因无法量化,则该样本纳入检测频率图中,但图表上部分不显示任何点。组织(从左到右):正常样本:血细胞;bloodvess(血管);脑;心;肝;肺;脂肪(脂肪组织);adren.gl.(肾上腺);胆管;膀胱;BM(骨髓);软骨;esoph(食管);眼;gallb(胆囊);头颈部;肾;large\_int(大肠);LN(淋巴结);神经;胰腺;parathyr(甲状旁腺);perit(腹膜);pituit(垂体);胸膜;skel.mus(骨骼肌);皮肤;small\_int(小肠);脾;胃;甲状腺;气管;输尿管;乳房;卵巢;胎盘;前列腺;睾丸;胸腺;子宫。肿瘤样本:AML:急性骨髓性白血病;BRCA:乳腺癌;CCC:胆管细胞癌;CLL:慢性淋巴细胞性白血病;CRC:结直肠癌;GBC:胆囊癌;GBM:胶质母细胞瘤;GC:胃癌;GEJC:胃贲门食管癌;HCC:肝细胞癌;HNSCC:头颈癌;MEL:黑色素瘤;NHL:非霍奇金淋巴瘤;NSCLC:非小细胞肺癌;OC:卵巢癌;OSCAR:食管癌;PACA:胰腺癌;PRCA:前列腺癌;RCC:肾细胞癌;SCLC:小细胞肺癌;UBC:膀胱癌;UEC:子宫内膜癌。图1E) 基因符号:KRT6C、KRT6A、KRT1、KRT6B、KRT75、KRT5,肽:PVCPPGGIQEV (SEQ ID NO:2),图1F) 基因符号:PKP1,肽:SMLNNIINL (SEQ ID NO:15),图1G) 基因符号:PRKDC,肽:GLIEWLENTV (SEQ ID NO:45),图1H) 基因符号:ATP5G2、ATP5G1、ATP5G3,肽:AILGFALSEA (SEQ ID NO:57),图1I) 基因符号:ITGB4,肽:SLSDIQPCL (SEQ ID NO:58),图1J) 基因符号:KRT5,肽:ALMDEINFMKM (SEQ ID NO:63),图1K) 基因符号:ESRP2,肽:ALASAPTSV (SEQ ID NO:75),图1L) 基因符号:PARP9,肽:ILFDEVLTFA (SEQ ID NO:76),图1M) 基因符号:MCM4,肽:QLLQYVYNL (SEQ ID NO:83),图1N) 基因符号:FHAD1,肽:QLIEKITQV (SEQ ID NO:85),图1O) 基因符号:PLEC,肽:ALPEPSPAA (SEQ ID NO:87),图1P) 基因符号:G3BP1,肽:TLNDGVVVQV (SEQ ID NO:90),图1Q) 基因符号:ODC1,肽:MLFENMGAYTV (SEQ ID NO.:91)。



[0434] 图2A至C显示了本发明的源基因的代表性表达特征,这些基因在一系列正常组织(白色柱)的头颈鳞状细胞癌中以及15个头颈鳞状细胞癌样本(黑色柱)中高度过度表达或专门表达。图2A)基因符号:PGLYRP4,肽:AIYEGVGWNV (SEQ ID NO:33);图2B)基因符号:PAPL,肽:KLLPGVQYV (SEQ ID NO:38);图2C)基因符号:LGALS7、LGALS7B,肽:RLVEVGQDVQL (SEQ ID NO.:53)。

[0435] 图3显示了示例性的免疫原性资料:肽特定多聚体染色后流式细胞仪结果。

[0436] 图4显示健康HLA-A\*02+供体的肽特异性CD8+ T细胞体外反应的示例性结果。CD8+ T细胞制备的方法为:使用抗CD28mAb和HLA-A\*02涂层的人工APC分别与Seq ID NO.:17肽(A,左图)、Seq ID NO.:28肽(B,左图)和Seq ID NO.:29肽(C,左图)合成。经过12个周期的刺激后,用A\*02/Seq ID NO.:17(A)、A\*02/Seq ID NO.:28(B)或A\*02/Seq ID NO.:29(C)的2D多聚体染色法对肽反应性细胞进行检测。右图(A、B和C)显示用不相关A\*02/肽复合体刺激的细胞对照染色。活单细胞在CD8+淋巴细胞上得到门控。Boolean门控帮助排除用不同肽特定的多聚体检测的假阳性事件。提示了特异性多聚体+细胞和CD8+淋巴细胞的频率。

[0437] 实施例

[0438] 实施例1细胞表面提呈的肿瘤相关肽的识别和定量

[0439] 组织样本

[0440] 患者的肿瘤组织获得自:Asterand (Detroit,MI,美国&Royston,Herts,英国)、ProteoGenex Inc. (Culver City,CA,美国)。正常组织获得自Asterand (Detroit,MI,美国&Royston,Herts,英国)、Bio-Options Inc. (Brea,CA,美国)、BioServe (Beltsville,MD,美国)、Capital BioScience Inc. (Rockville,MD,美国)、Geneticist Inc. (Glendale,CA,美国)、京都府立医科大学 (KPUM) (Kyoto,日本)、ProteoGenex Inc. (Culver City,CA,美国)、Tissue Solutions Ltd (Glasgow,英国)、日内瓦大学医院 (Geneva,瑞士)、海德堡大学医院 (Heidelberg,德国)、慕尼黑大学医院 (Munich,德国)、蒂宾根大学医院 (Tübingen,德国)。

[0441] 所有患者在手术或尸检前都获得了书面知情同意。切除后组织立即进行冷休克处理,在分离TUMAP前储存于-70℃或以下。

[0442] 从组织样本中分离HLA肽

[0443] 根据方案(Falk et al.,1991;Seeger et al.,1999)略加修改,使用HLA-A\*02特异性抗体BB7.2、HLA-A、HLA-B、HLAC特异性抗体W6/32、CNBr活化的琼脂糖凝胶、酸处理和超滤方法以免沉淀法从实体组织中获得了冷冻组织样本的HLA肽库。

[0444] 质谱分析

[0445] 获得的HLA肽库根据其疏水性用反相色谱(nanoAcquity UPLC system,Waters)分离,洗脱肽用装有电喷雾源的LTQ-velos融合杂交质谱(ThermoElectron)进行了分析。肽库被直接加载填充有1.7 $\mu$ m C18反相材料(Waters)的分析用熔炼石英微毛细管柱(75 $\mu$ m内径x250mm),应用流速为400nL每分钟。随后,使用来自流速为300nL每分钟、浓度为10%至33%溶剂B中的两步180分钟二元梯度法对肽进行分离。梯度由溶剂A(含0.1%甲酸的水)和溶剂B(含0.1%甲酸的乙腈)。金镀膜玻璃毛细管(PicoTip,New Objective)用于引入到纳升电喷雾源。使用前5(TOP5)策略在数据依赖模式下操作LTQ-Orbitrap质谱仪。简言之,首先以高精度质量完全扫描在orbitrap开始一个扫描周期(R=30000),之后用先前选定离子的动态排除技术在orbitrap中对5种含量最为丰富的前体离子进行MS/MS扫描(R=7500)。串联

质谱以SEQUEST和另一种手动控制器进行解读。生成的自然肽破碎模式与合成序列相同参考肽的破碎模式进行比较后,确保了被识别的肽序列。

[0446] 无标记相对LC-MS定量通过离子计数(即通过LC-MS功能提取和分析)来进行(Mueller et al.,2007)。该方法假定肽的LC-MS信号区域与样本中其丰度相关。提取的特征通过充电状态去卷积和保留时间校准进行进一步处理(Mueller et al.,2008;Sturm et al.,2008)。最后,所有的LC-MS特征与序列鉴定结果交叉引用,以将不同样本和组织的定量数据与肽呈递特征结合。定量数据根据集中数据以两层方式进行正态化处理,以说明技术和生物学复制变异。因此,每个被识别的肽均可与定量资料相关,从而可得出样本和组织之间的相对定量。此外,对候选肽获得的所有定量数据进行手动检查,以确保数据的一致性,并验证自动化分析的准确度。对于每种肽,计算了提呈图,其显示样本平均提呈量以及复制变化。这些特征使头颈鳞状细胞癌样本与正常组织样本的基线值并列。示范性过度提呈肽的提呈谱示于图1中。示范性肽的提呈分数见表8。

[0447] 表8:提呈分数。该表列出了与一系列正常组织相比在肿瘤上非常高度过量提呈(++)、与一系列正常组织相比在肿瘤上高度过量提呈(++)或与一系列正常组织相比在肿瘤上过量提呈(+)的HLA-A\*02肽。被认为与肿瘤比较相关的一系列正常组织组包括:脂肪组织、肾上腺、胆管、血细胞、血管、骨髓、脑、食道、眼、胆囊、头颈部、心脏、肾、大肠、肝、肺、淋巴结、神经、胰腺、甲状旁腺、腹膜、垂体、胸膜、骨骼肌、皮肤、小肠、脾、胃、甲状腺、气管、输尿管、膀胱。

[0448]

序列 ID 号	序列	肽提呈
1	GLAGGFGGPGFPV	+++
2	PVCPGGIQEV	+++
3	SLYGLGGSKRISI	+++
4	ILDINDNPPV	+++
5	VCPPGGIQEV	+++
6	ALYDAELSQM	+++
7	ALEEANADLEV	+++
8	AQLNIGNVLPV	+++
9	STASAITPSV	+++
10	TLWPATPPKA	+++
11	VLFSPPVI	+++
12	TLTDEINFL	+++
13	SLVSYLDKV	+++
14	RIMEGIPTV	+++
15	SMLNNIINL	+
16	ALKDSVQRA	+++
17	SIWPALTQV	+++
19	ALAKLLPLL	+++
20	YLINEIDRIRA	+++
21	FLHEPFSSV	+++
22	KLPEPCPSTV	+++
23	SLPESGLLSV	+++
24	LLIAINPQV	+++
25	SLCPPGGIQEV	+++
26	TLVDENQSWYL	+++
27	YLAEPQWAV	+++
28	AVDPVSGSLYV	+++
29	RLLPDLDEV	+++
30	TLASLGYAVV	+++
31	HLATVKLLV	+++
32	IQDAEGAIHEV	+++

[0449]

33	AIYEGVGWNV	+++
34	ALDTFSVQV	+++
35	ALVGDVILTV	+++
36	GLWSSIFSL	+++
37	ILLEDVFQL	+++
38	KLLPGVQYV	+++
39	LLPEDDTRDNV	+++
40	LLTPLNLQI	+++
41	RLNGEGVGQVNISV	+++
42	ALYTSGHLL	+++
43	AVLGGKLYV	+++
44	GLGDDSFPI	+++
45	GLIEWLENTV	+++
46	GLISSIEAQL	+++
47	QLLEGELETL	+++
48	YLLDYPNNL	+++
49	YLWEAHTNI	+++
50	ALSNVVHKV	+++
51	FLPSIIFA	+++
52	LLFTGLVSGV	+++
53	RLVEVGGDVQL	+++
54	RLSGEGVGPV	+++
55	VLNVGVAEV	+++
56	FLQLETEQV	+++
58	SLSDIQPCL	+++
60	SLGNFKDDL	+++
61	FVAGYIAGV	+++
62	ILSSACYTV	+++
63	ALMDEINFMKM	++
67	AQLNLIWQL	+
69	YVMESMTYL	+
70	FLFPAFLTA	+++
71	SLFPYVCLI	+++
72	SLDGNPLAV	+++
73	YIDPYKLLPL	+++

[0450]	74	SLTSFLISL	+++
	75	ALASAPTSV	+++
	78	VLYGDVEEL	+++
	79	GLHQDFPSVVL	+
	81	VLAENPDIFAV	+++
	82	VLDINDNPPV	+++
	83	QLLQYVYNL	+++
	84	ALMAGCIQEA	+++
	85	QLIEKITQV	+++
	86	SLQERQVFL	+++
	88	LMAPAPSTV	++
	90	TLNDGVVVQV	+
	91	MLFENMGAYTV	+

[0451] 实施例2编码本发明肽的基因的表达谱

[0452] 与正常细胞相比在肿瘤细胞上一种肽过度提呈或特定提呈足够其在免疫治疗中有效使用,一些肽为肿瘤特异性的,尽管存在其源蛋白也存在于正常组织中。但是,mRNA表达谱增加了免疫治疗目标肽选择中其他级别的安全性。特别是对于具有高安全性风险的治疗选择,诸如亲和力成熟的TCR,理想的目标肽将来源于对该肿瘤独一无二且不出现于正常组织中的蛋白。

[0453] RNA来源与制备

[0454] 手术切除组织标本按如上所述(参见实施例1)在获得每名患者的书面知情同意后提供。手术后立即速冻肿瘤组织标本,之后在液态氮中用杵臼匀浆。使用TRI试剂(Ambion公司,Darmstadt,德国)之后用RNeasy(QIAGEN公司,Hilden,德国)清理从这些样本中制备总RNA;这两种方法都根据制造商的方案进行。

[0455] 用于RNASeq实验来自健康人体组织的总RNA获得自:

[0456] Asterand (Detroit,MI,美国&Royston,Herts,英国)、BioCat GmbH(Heidelberg,德国)、Bio-Options Inc. (Brea,CA,美国)、BioServe (Beltsville,MD,美国)、Capital BioScience Inc. Rockwell,MD,美国)、Geneticist Inc. (Glendale,CA,美国)、Istituto Nazionale Tumori“Pascale”(Naples,意大利)、ProteoGenex Inc. (Culver City,CA,美国)、海德堡大学医院(Heidelberg、德国)。用于RNASeq实验来自肿瘤组织的总RNA获得自:Asterand (Detroit,MI,美国&Royston,Herts,英国)、ProteoGenex Inc. (Culver City,CA,美国)。

[0457] 所有RNA样品的质量和数量在Agilent 2100生物分析仪(Agilent,Waldbronn,德国)上使用RNA 6000Pico LabChip试剂盒(Agilent)评估。

[0458] RNA序列实验

[0459] 通过新一代测序技术(RNAseq)由CeGaT(Tübingen,德国)对肿瘤和正常组织的RNA样本进行基因表达分析。简言之,根据供货商的方案(Illumina Inc.,San Diego,CA,美国),其中包括RNA碎片化、cDNA转化和测序适配器的加入,利用Illumina HiSeq v4试剂盒

准备测序文库。从多个样本获得的文库根据制造商的说明等摩尔混合并在Illumina HiSeq 2500序列发生器上测序,产生50bp的单端读数。处理的读数使用STAR软件映像至人类基因组 (GRCh38)。根据ENSEMBL序列数据库的说明 (Ensembl77),表达数据在转录水平设置为RPKM(每百万映射读数每千碱基读数,由Cufflinks软件生成)并在外显子水平上设置(总读数,由Bedtools软件生成)。外显子读数被归为外显子长度和校准尺寸,以获得RPKM值。

[0460] 本发明的代表性源基因在头颈鳞状细胞癌中高度过量表达的表达式如图2所示。进一步代表性基因的表达分数见表9。

[0461] 表9:表达分数。该表列出了与一系列正常组织相比在肿瘤上非常高度过量表达(++)、与一系列正常组织相比在肿瘤上高度过量表达(++)或与一系列正常组织相比在肿瘤上过量表达(+)的基因的肽。本基线得分根据以下相关正常组织的测量值计算:脂肪组织、肾上腺、动脉、胆管、血细胞、骨髓、脑、软骨、结肠、食道、眼、胆囊、头颈部和唾液腺、心脏、肾、肝、肺、淋巴结、胰腺、甲状旁腺、外周神经、腹膜、垂体腺、胸膜、直肠、骨骼肌、皮肤、小肠、脾、胃、甲状腺、气管、输尿管、膀胱、静脉。如果获得同一组织类型几个样本的表达数据,则使用各样本的算术平均值进行计算。

[0462]

序列 ID 号	序列	基因表达
1	GLAGGFGGPGFPV	+++
2	PVCPGGIQEV	+++
3	SLYGLGGSKRISI	+++
4	ILDINDNPPV	+++
5	VCPGGIQEV	+++
6	ALYDAELSQM	+++
7	ALEEANADLEV	+++
9	STASAITPSV	+++
12	TLTDEINFL	+++
14	RIMEGIPTV	+++
15	SMLNNIINL	+++
19	ALAKLLPLL	+++
20	YLINEIDRIRA	++

[0463]

21	FLHEPFSSV	+++
24	LLIAINPQV	+++
26	TLVDENQSWYL	+++
27	YLAEPQWAV	+
33	AIYEGVGWNV	+++
34	ALDTFSVQV	++
35	ALVGDVILTV	+
36	GLWSSIFSL	+++
38	KLLPGVQYV	+++
39	LLPEDDTRDNV	+++
40	LLTPLNLQI	+++
41	RLNGEGVGQVNISV	+++
49	YLWEAHTNI	+
51	FLIPSIIFA	+++
53	RLVEVGGDVQL	+++
54	RLSGEGVGPV	+++
59	YLQNEVFGL	+++
60	SLGNFKDDL	+++
62	ILSSACYTV	+++
63	ALMDEINFMKM	+++
82	VLDINDNPPV	+++
91	MLFENMGAYTV	++

[0464] 实施例3 MHC-I类提呈肽的体外免疫原性

[0465] 为了获得关于本发明TUMAP的免疫原性信息,发明人使用体外T细胞扩增分析方法进行了研究,其中该分析方法基于使用装载肽/MHC复合物和抗CD28抗体的人工抗原提呈细胞(aAPC)进行反复刺激。用这种方法,发明人可显示,本发明的HLA-A\*0201限制TUMAP具有免疫原性,这表明这些肽为对抗人CD8<sup>+</sup>前体T细胞的T细胞表位(表10)。

[0466] CD8<sup>+</sup> T细胞体外启动

[0467] 为了用载有肽-MHC复合物(pMHC)和抗CD28抗体的人工抗原提呈细胞进行体外刺激,发明人首先从德国University clinics Mannheim中获取健康供体CD8微珠(Miltenyi Biotech, Bergisch-Gladbach, 德国)通过积极选择白细胞清除术后新鲜HLA-A\*02产物而分离出CD8<sup>+</sup> T细胞。

[0468] PBMC和分离出的CD8<sup>+</sup>淋巴细胞使用前在T细胞培养基(TCM)中培养,培养基包括RPMI-Glutamax (Invitrogen公司, Karlsruhe, 德国)并补充10%热灭活人AB血清(PAN-Biotech公司, Aidenbach, 德国)、100U/ml青霉素/100μg/ml链霉素(Cambrex公司, Cologne, 德国)、1mM丙酮酸钠(CC Pro公司, Obergdorf, 德国)和20μg/ml庆大霉素(Cambrex公司)。在

此步骤,2.5ng/ml的IL-7 (PromoCell公司,Heidelberg,德国)和10U/ml的IL-2 (Novartis Pharma公司,Nürnberg,德国)也加入TCM。

[0469] 对于pMHC/抗-CD28涂层珠的生成、T细胞的刺激和读出,使用每刺激条件四个不同pMHC分子以及每个读出条件8个不同的pMHC分子在高度限定的体外系统中进行。

[0470] 纯化的共刺激小鼠IgG2a抗人CD28抗体9.3 (Jung et al.,1987)使用制造商(Perbio公司,波恩,德国)推荐的N-羟基琥珀酰亚胺生物素进行化学生物素化处理。所用珠为5.6 $\mu$ m的链霉抗生物素蛋白包裹的多聚苯乙烯颗粒(Bangs Laboratories,伊利诺伊州,美国)。

[0471] 用于阳性和阴性对照刺激物的pMHC分别为A\*0201/MLA-001(从Melan-A/MART-1中修饰制得的肽ELAGIGILTV (SEQ ID NO:157))和A\*0201/DDX5-001(从DDX5中获得的YLLPAIVHI (SEQ ID NO:158))。

[0472] 800.000珠/200 $\mu$ l包裹于含有4x 12.5ng不同生物素-pMHC的96孔板、进行洗涤,随后加入体积为200 $\mu$ l的600ng生物素抗-CD28。在37℃下,在含5ng/ml IL-12 (PromoCell)的200 $\mu$ l TCM中共培养 $1 \times 10^6$ CD8+T细胞与 $2 \times 10^5$ 的清洗涂层珠3天,从而启动刺激。之后,一半培养基与补充80U/ml IL-2的新鲜TCM进行交换,并且培养在37℃下持续4天。这种刺激性周期总共进行3次。对于使用每条件8种不同pMHC分子的pMHC多聚体读出,二维组合编码方法如前述使用(Andersen et al.,2012),稍作修饰,涵盖耦合至5种不同的荧光染料。最后,用Live/dead near IR染料(Invitrogen公司,Karlsruhe,德国)、CD8-FITC抗体克隆SK1 (BD公司,Heidelberg,德国)和荧光pMHC多聚体而执行多聚体分析。对于分析,使用了配有合适激光仪和筛检程序的BD LSRII SORP细胞仪。肽特异性细胞以占总CD8+细胞的百分比形式进行计算。多聚体分析结果使用FlowJo软件(Tree Star公司,Oregon,美国)进行评估。特定多聚体+CD8+淋巴细胞的体外填充用与阴性对照刺激组比较而进行检测。如果健康供体中的至少一个可评价的体外刺激孔在体外刺激后发现含有特异性CD8+ T细胞株(即该孔包含至少1%特定多聚体+CD8+ T细胞,并且特定多聚体+的百分比至少为阴性对照刺激中位数的10倍),则检测给定抗原的免疫原性。

[0473] 头颈鳞状细胞癌肽体外免疫原性

[0474] 对于受到测试的HLA-I类肽,可通过肽特异性T细胞株的生成证明其体外免疫原性。TUMAP特异性多聚体对本发明的2种肽染色后流式细胞仪检测的典型结果如图3所示,同时也含有相应的阴性对照信息。TUMAP特异性多聚体对本发明的3种肽染色后流式细胞仪检测的其他典型结果如图4所示,同时也含有相应的阴性对照信息。本发明17种肽的结果汇总于表10A。本发明17种肽的其他结果汇总于表10B。

[0475] 表10A:本发明中HLA I类肽的体外免疫原性

[0476] 申请人对本发明的肽所做的体外免疫原性实验的示例性结果。<20% =+; 20%-49% =++; 50%-69% =+++; >=70% =++++

[0477]

序列ID号	肽代码	序列	孔	供体
98	RAD54B-001	SLYKGLLSV	++	++++
101	C4orf36-001	GLLPSAESIKL	+	++++
105	KRT-010	STYGGGLSV	+	++++
108	KRT5-001	SLYNLGSKRISI	+	++++



109	IGF2BP3-001	KIQEILTQV	+	+++
113	PKP1-002	NLMASQPQL	+++	++++
114	TP6-001	VLVPYEPPQV	+	++++
118	KRT-006	TLLQEQTGKTV	+	++
123	GJB5-001	LLSGDLIFL	++	++++
127	FHL2-001	SLFGKKYIL	++	++++
135	DNMT3B-001	GLFSQHFNL	+	++
137	LOC-002	GLAPFLNAV	+	++++
143	FAP-003	YVYQNNIYL	+	++
145	TMEM222-001	LLYGKYVSV	++	++++
147	DNMT1-001	ILMDPSPEYA	+++	++++
150	NLRP2-001	ILAEPIYIRV	+++	++++
154	BDH1-001	KMWEELPEVV	+	++++

[0478] 表10B:本发明中HLA I类肽的体外免疫原性申请人对本发明的HLA-A\*02限制肽所做的体外免疫原性实验的示例性结果。提示了体外免疫原性实验的结果。阳性孔和供体(其他可评价)的百分比概括为<20%=+;20%-49%=++;50%-69%=+++;>=70%=++++

序列 ID 号	序列	阳性孔 [%]
1	GLAGGFGGPGFPV	+
3	SLYGLGGSKRISI	+
8	AQLNIGNVLPV	+
10	TLWPATPPKA	+

11	VLFSSPPVI	++
12	TLTDEINFL	+
13	SLVSYLDKV	++
16	ALKDSVQRA	+
17	SIWPALTQV	++++
18	YLYPDLSRL	+
19	ALAKLLPLL	++
20	YLINEIDRIRA	+
26	TLVDENQSWYL	++
28	AVDPVSGSLYV	+++
29	RLLPDLDEV	++
30	TLASLGYAVV	+++
82	VLDINDNPPV	+

[0481] 实施例4肽的合成

[0482] 所有的肽通过使用Fmoc策略以标准、广为接受的固相肽合成法合成。每个肽的身

份和纯度已使用质谱和RP-HPLC分析法确定。用冻干法(三氟乙酸盐)获得白色至类白色的肽,纯度为>50%。所有的TUMAP优选作为三氟乙酸盐或乙酸盐进行给药,其他药用盐形式也可以。

[0483] 实施例5 MHC结合测定

[0484] 本发明基于T细胞疗法的候选肽进一步测试其MHC结合能力(亲和性)。单个肽-MHC复合体通过UV-配体交换产生,其中,紫外线敏感肽经紫外线照射后裂解,与分析的相关肽交换。只有能够有效地结合并稳定肽接受MHC分子的候选肽才能阻止MHC复合物的解离。为了确定交换反应的产率,将基于稳定MHC复合物轻链( $\beta 2m$ )的检测结果进行ELISA测定。检测总体上按照Rodenko等人(Rodenko et al., 2006)中描述的方法进行。

[0485] 96孔MAXISorp板(NUNC)在室温下在PBS中以2 $\mu$ g/ml链霉包被过夜,四次洗涤并在37°C下在含封闭缓冲液的2%BSA中封闭1小时。筛选的HLA-A\*02:01/MLA-001单体作为标准品,涵盖15-500ng/ml的范围。紫外线交换反应的肽-MHC单体在封闭缓冲液中稀释100倍。样本在37°C下孵育1小时,洗涤四次,在37°C下以2 $\mu$ g/ml HRP缀合抗- $\beta 2m$ 温育1小时,再次洗涤,并以NH<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>封堵的TMB溶液进行检测。在450nm处测量吸收。在生成和产生抗体或其片段时和/或T细胞受体或其片段时,通常优选显示为高交换产率(优选为高于50%,最优选为高于75%)的候选肽,这是因为它们对MHC分子表现出足够的亲合力,并能防止MHC复合体的解离。

[0486] 表11:MHC-I类结合分数。HLA-I类限制肽与HLA-A\*02:01的结合根据肽交换产量分类:>10%=+;>20%=++;>50%=+++;>75%=++++

[0487]

序列 ID 号	序列	肽交换
1	GLAGGFGGPGFPV	++++
2	PVCPGGIQEV	+++
3	SLYGLGGSKRISI	+++
4	ILDINDNPPV	+++
5	VCPGGIQEV	+++
6	ALYDAELSQM	+++
7	ALEEANADLEV	+++
8	AQLNIGNVLPV	++++
9	STASAITPSV	++
10	TLWPATPPKA	+++
11	VLFSSPPVI	++++
12	TLTDEINFL	++++
13	SLVSYLDKV	++++
14	RIMEGIPTV	++++
15	SMLNNIINL	+++
16	ALKDSVQRA	+++
17	SIWPALTQV	++++
18	YLYPDL SRL	++++
19	ALAKLLPLL	++++
20	YLINEIDRIRA	++++
21	FLHEPFSSV	++++
22	KLPEPCPSTV	+++
23	SLPESGLLSV	+++
24	LLIAINPQV	++++
25	SLCPPGGIQEV	++++
26	TLVDENQSWYL	+++
27	YLAEPQWAV	++++
28	AVDPVSGSLYV	++++
29	RLLPDLDEV	++++
30	TLASLGYAVV	+++
31	HLATVKLLV	++++
32	IQDAEGAIHEV	++++
33	AIYEGVGWNV	++++
34	ALDTFSVQV	++++
35	ALVGDVILTV	++++
36	GLWSSIFSL	++++
37	ILLEDVFQL	++++
38	KLLPGVQYV	++++
39	LLPEDDTRDNV	+++
40	LLTPLNLQI	+++

[0488]

41	RLNGEGVGQVNISV	++
42	ALYTSGHLL	++++
43	AVLGGKLYV	++++
44	GLGDDSFPI	++++
45	GLIEWLENTV	++++
46	GLISSIEAQL	++++
47	QLLEGELETL	+++
48	YLLDYPNNL	+++
49	YLWEAHTNI	++++
50	ALSNVVHKV	++++
51	FLIPSIIFA	++++
52	LLFTGLVSGV	+++
53	RLVEVGGDVQL	++++
54	RLSGEGVGPV	+++
55	VLNVGVAEV	+++
56	FLQLETEQV	++++
57	AILGFALSEA	++++
58	SLSDIQPCL	+++
59	YLQNEVFGL	+++
60	SLGNFKDDL	+++
61	FVAGYIAGV	++++
62	ILSSACYTV	++++
63	ALMDEINFMKM	++++
64	KILEJLFVJL	+++
65	ALWGFFPVLL	++++
66	TLLSEIAEL	++++
67	AQLNLIWQL	++++
68	KILEMDDPRA	++
69	YVMESMTYL	++++
70	FLFPAFLTA	++++
71	SLFPYVVLI	++++
72	SLDGNPLAV	++++
73	YIDPYKLLPL	+++
74	SLTSFLISL	+++
75	ALASAPTSV	++++
76	ILFDEVLTFA	++++
77	SLRAFLMPI	++
78	VLYGDVEEL	+++
79	GLHQDFPSVVL	+++
80	GLYGIKDDVFL	++++
81	VLAENPDIFAV	+++
82	VLDINDNPPV	+++
83	QLLQYVYNL	++++
84	ALMAGCIQEA	++++

[0489]

85	QLIEKITQV	+++
86	SLQERQVFL	+++
87	ALPEPSPAA	+++
88	LMAPAPSTV	+++
89	VLDEGLTSV	++++
90	TLNDGVVVQV	++++
91	MLFENMGAYTV	++++

[0490] 参考文献列表

- [0491] Abdel-Ghany,M.et al.,J Biol Chem 276(2001):25438-25446
- [0492] Abdelmagid,S.A.et al.,J Cell Biochem.112(2011):1084-1092
- [0493] Adhikary,G.et al.,PLoS.One.8(2013):e84324
- [0494] Aguiar,R.C.et al.,J Biol Chem 280(2005):33756-33765
- [0495] Ahmed,N.et al.,Biol Chem 397(2016):1265-1276
- [0496] Ai,R.et al.,Gene Expr.11(2003):35-45
- [0497] Aisa,Y.et al.,Int.J Hematol.82(2005):266-269
- [0498] Aizawa,S.et al.,J Oral Sci.56(2014):209-214
- [0499] Akbari,M.R.et al.,Hum.Genet.129(2011):573-582
- [0500] Akhtar,Ali M.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 112(2015):7743-7748
- [0501] Albergaria,A.et al.,Int.J Dev.Biol 55(2011):811-822
- [0502] Allison,J.P.et al.,Science 270(1995):932-933
- [0503] Alrawi,S.J.et al.,Anticancer Res 26(2006):107-119
- [0504] Ammendola,M.et al.,Biomed.Res Int.2014(2014):154702
- [0505] Andersen,R.S.et al.,Nat.Protoc.7(2012):891-902
- [0506] Andersson,L.,Cold Spring Harb.Symp.Quant.Biol 74(2009):319-325
- [0507] Andersson,L.et al.,Transcription.1(2010):144-148
- [0508] Annibaldi,A.et al.,PLoS.One.6(2011):e29024
- [0509] Apostolopoulou,M.et al.,PLoS.One.7(2012):e33289
- [0510] Appay,V.et al.,Eur.J Immunol.36(2006):1805-1814
- [0511] Arif,Q.et al.,Arch.Pathol.Lab Med.139(2015):978-980
- [0512] Attallah,A.M.et al.,Tumour.Biol 36(2015):7667-7674
- [0513] Baak,J.P.et al.,J Clin Pathol.59(2006):1017-1028
- [0514] Bachmann,S.B.et al.,Mol Cancer 13(2014):125
- [0515] Baglo,Y.et al.,PLoS.One.8(2013):e65200
- [0516] Bailey,C.M.et al.,J Cell Physiol 209(2006):617-624
- [0517] Balakrishnan,A.et al.,Genes Chromosomes.Cancer 45(2006):883-892
- [0518] Baluchamy,S.et al.,In Vitro Cell Dev.Biol Anim 46(2010):718-725
- [0519] Banchereau,J.et al.,Cell 106(2001):271-274
- [0520] Bao,L.et al.,Cell Biol Toxicol.32(2016):419-435
- [0521] Bar-Shavit,R.et al.,Methods Cell Biol 132(2016):341-358
- [0522] Barach,Y.S.et al.,Trends Mol.Med 17(2011):47-55

- [0523] Barilli,A.et al.,J Leukoc.Biol 90(2011):293-303
- [0524] Barry,G.S.et al.,Oncotarget.7(2016):18953-18964
- [0525] Bauml,J.M.et al.,Ther.Adv.Med.Oncol 8(2016):168-175
- [0526] Bausch,D.et al.,Clin CancerRes 17(2011):302-309
- [0527] Beatty,G.et al.,J Immunol 166(2001):2276-2282
- [0528] Beggs,J.D.,Nature 275(1978):104-109
- [0529] Benjamini,Y.et al.,Journal of the Royal Statistical Society.Series B (Methodological), Vol.57(1995):289-300
- [0531] Benzon,B.et al.,Prostate Cancer Prostatic.Dis. (2016)
- [0532] Binai,N.A.et al.,Endocrine.44(2013):496-503
- [0533] Blanckaert,V.et al.,Int.J Oncol 46(2015):2649-2655
- [0534] Bongiovanni,L.et al.,Vet.Dermatol.25(2014):138-140
- [0535] Bonitsis,N.et al.,Exp.Oncol 28(2006):187-193
- [0536] Bottino,C.et al.,Front Immunol.5(2014):56
- [0537] Bouameur,J.E.et al.,J Invest Dermatol.134(2014):885-894
- [0538] Boulter,J.M.et al.,Protein Eng 16(2003):707-711
- [0539] Boyero,L.et al.,Int.J Med Sci.10(2013):1166-1173
- [0540] Braumuller,H.et al.,Nature(2013)
- [0541] Brendle,A.et al.,Carcinogenesis 29(2008):1394-1399
- [0542] Broderick,P.et al.,Cancer Res 69(2009):6633-6641
- [0543] Brosens,R.P.et al.,J Pathol.221(2010):411-424
- [0544] Brossart,P.et al.,Blood 90(1997):1594-1599
- [0545] Bruckdorfer,T.et al.,Curr.Pharm.Biotechnol.5(2004):29-43
- [0546] Bruna,F.et al.,Stem Cell Res 18(2017):5-13
- [0547] Bryan,R.T.,Philos.Trans.R Soc.Lond B Biol Sci.370(2015):20140042
- [0548] Bryan,R.T.et al.,J Urol.184(2010):423-431
- [0549] Bu,W.et al.,Oncogene 30(2011):4399-4409
- [0550] Bustin,S.A.et al.,DNA Cell Biol 20(2001):331-338
- [0551] Buttner,S.et al.,EMBO J 30(2011):2779-2792
- [0552] Cada,Z.et al.,Histol.Histopathol.24(2009):41-48
- [0553] Camicia,R.et al.,J Cell Sci.126(2013):1969-1980
- [0554] Camicia,R.et al.,Mol.Cancer 14(2015):207
- [0555] Campione,E.et al.,Drug Des Devel.Ther.9(2015):5843-5850
- [0556] Camps,J.et al.,Cancer Res 73(2013):2003-2013
- [0557] Canto,I.et al.,Mini.Rev Med Chem 12(2012):804-811
- [0558] Card,K.F.et al.,Cancer Immunol Immunother.53(2004):345-357
- [0559] Cazier,J.B.et al.,Nat Commun.5(2014):3756
- [0560] Chang,H.H.et al.,Cancer 117(2011):353-360

- [0561] Chanock,S.J.et al.,Hum.Immunol.65(2004):1211-1223
- [0562] Chanthammachat,P.et al.,Arch.Oral Biol 58(2013):1677-1685
- [0563] Chen,J.et al.,Int.J Clin Exp.Pathol.8(2015):2026-2032
- [0564] Chen,L.et al.,Oncotarget.(2016)
- [0565] Chen,Q.et al.,PLoS.One.9(2014):e88386
- [0566] Chien,A.J.et al.,Breast Cancer Res Treat.155(2016):521-530
- [0567] Choi,J.R.et al.,Ann.Occup.Environ.Med 28(2016):13
- [0568] Choi,Y.K.et al.,Cancer Genomics Proteomics.10(2013):265-275
- [0569] Chowdhury,R.et al.,Nature 510(2014):422-426
- [0570] Chuang,J.J.et al.,Toxicol.Appl.Pharmacol.279(2014):322-330
- [0571] Chung,T.K.et al.,Int.J Cancer 137(2015):776-783
- [0572] Cipolat,S.et al.,Elife.3(2014):e01888
- [0573] Clark,D.L.et al.,J Anim Sci.93(2015):2546-2558
- [0574] Cohen,C.J.et al.,J Mol Recognit.16(2003a):324-332
- [0575] Cohen,C.J.et al.,J Immunol 170(2003b):4349-4361
- [0576] Cohen,S.N.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 69(1972):2110-2114
- [0577] Coligan,J.E.et al.,Current Protocols in Protein Science(1995)
- [0578] Colombetti,S.et al.,J Immunol.176(2006):2730-2738
- [0579] Corsaro,A.et al.,Oncotarget.7(2016):38638-38657
- [0580] D'Asti,E.et al.,Semin.Thromb.Hemost.40(2014):284-295
- [0581] Das,M.et al.,PLoS.One.8(2013):e69607
- [0582] Das,M.et al.,Tumour.Biol 36(2015):9987-9994
- [0583] David,G.et al.,Oncogene 25(2006):7354-7360
- [0584] Davies,E.L.et al.,Eur.J Cancer 35(1999):902-907
- [0585] Delgado,A.P.et al.,Cancer Genomics Proteomics.11(2014):201-213
- [0586] Deng,M.et al.,J Biol Chem 284(2009):7875-7888
- [0587] Deng,W.et al.,Cell Physiol Biochem.35(2015):1677-1688
- [0588] Deng,Y.et al.,Cancer Invest 31(2013):97-102
- [0589] Dengjel,J.et al.,Clin Cancer Res 12(2006):4163-4170
- [0590] Denkbeg,G.et al.,J Immunol 171(2003):2197-2207
- [0591] Depianto,D.et al.,Nat Genet.42(2010):910-914
- [0592] Dewar,R.et al.,Arch.Pathol.Lab Med 135(2011):422-429
- [0593] do Prado,R.F.et al.,Oral Surg.Oral Med Oral Pathol.Oral Radiol.Endod.104(2007):e40-e44
- [0594] Dorn,J.et al.,Oncol Lett.9(2015):418-424
- [0595] Dotlic,S.et al.,Appl.Immunohistochem.Mol.Morphol.22(2014):537-542
- [0596] Dou,N.et al.,Am.J Cancer Res 6(2016):2641-2650
- [0597] Drucker,K.L.et al.,BMC.Cancer 15(2015):565
- [0598] Du,L.et al.,Cancer Res 73(2013):2682-2694

- [0599] Dubash,A.D.et al.,J Cell Biol 202(2013):653-666
- [0600] Duggan,M.A.,Gan To Kagaku Ryoho 29 Suppl 1(2002):176-193
- [0601] Economopoulou,P.et al.,Ann.Transl.Med.4(2016):173
- [0602] Eichler,T.E.et al.,Kidney Int.90(2016):568-579
- [0603] El-Rifai,W.et al.,Cancer Res 62(2002):6823-6826
- [0604] Elste,A.P.et al.,J Mol.Histol.41(2010):89-99
- [0605] Epp,N.et al.,J Cell Biol 177(2007):173-182
- [0606] Er,T.K.et al.,J Mol.Med. (Berl) (2016)
- [0607] Esteban-Jurado,C.et al.,Eur.J Hum.Genet.24(2016):1501-1505
- [0608] Ettl,T.et al.,Clin Exp.Med(2016)
- [0609] Evangelista,M.T.et al.,J Cutan.Pathol.42(2015):824-831
- [0610] Falk,K.et al.,Nature 351(1991):290-296
- [0611] Fan,J.et al.,Clin CancerRes 17(2011):2908-2918
- [0612] Fang,W.K.et al.,Asian Pac.J Cancer Prev.15(2014):871-876
- [0613] Fang,W.Y.et al.,Acta Biochim.Biophys.Sin. (Shanghai) 37(2005):541-546
- [0614] Fauci,J.M.et al.,Gynecol.Oncol 127(2012):420-425
- [0615] Fevre-Montange,M.et al.,Int.J Oncol 35(2009):1395-1407
- [0616] Fijneman,R.J.et al.,Clin Cancer Res 18(2012):2613-2624
- [0617] Fong,L.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 98(2001):8809-8814
- [0618] French,J.et al.,Histochem.J 34(2002):223-231
- [0619] Frohwitter,G.et al.,Oncol Lett.12(2016):107-113
- [0620] Funakoshi-Tago,M.,Yakugaku Zasshi 132(2012):1267-1272
- [0621] Furstenberger,G.et al.,Prostaglandins Other LipidMediat.82(2007):128-134
- [0622] Gabrilovich,D.I.et al.,Nat Med.2(1996):1096-1103
- [0623] Galoian,K.et al.,Mol.Clin Oncol 3(2015):171-178
- [0624] Gandhi,C.R.et al.,Gastroenterology 148(2015):379-391
- [0625] Gao,W.et al.,BMC.Cancer 15(2015):367
- [0626] Gao,Y.et al.,Di Yi.Jun.Yi.Da.Xue.Xue.Bao.23(2003):885-887
- [0627] Gao,Y.B.et al.,Nat Genet.46(2014):1097-1102
- [0628] Gattinoni,L.et al.,Nat Rev.Immunol 6(2006):383-393
- [0629] Gazda,H.T.et al.,Hum.Mutat.33(2012):1037-1044
- [0630] Ge,W.et al.,Nat Chem Biol 8(2012):960-962
- [0631] Gelfand,R.et al.,Int.J Oncol 50(2017):49-65
- [0632] Gemmill,R.M.et al.,Cancer Lett.300(2011):66-78
- [0633] Gieseler,F.et al.,Cell Commun.Signal.11(2013):86
- [0634] Giguere,A.et al.,Cancer Genet.Cytogenet.202(2010):94-100
- [0635] Gnjjatic,S.et al.,Proc Natl.Acad.Sci.U.S.A 100(2003):8862-8867
- [0636] Godkin,A.et al.,Int.Immunol 9(1997):905-911



- [0637] Gomez-Morales,M.et al.,Histopathology 63(2013):103-113
- [0638] Gorski,J.J.et al.,Breast Cancer Res Treat.122(2010):721-731
- [0639] Green,M.R.et al.,Molecular Cloning,A Laboratory Manual 4th(2012)
- [0640] Greenfield,E.A.,Antibodies:A Laboratory Manual 2nd(2014)
- [0641] Grin,A.et al.,Hum.Pathol.46(2015):541-548
- [0642] Grosset,A.A.et al.,BMC.Cancer 14(2014):801
- [0643] Grosset,A.A.et al.,PLoS.One.11(2016):e0166731
- [0644] Gruber,A.D.et al.,Cancer Res 59(1999):5488-5491
- [0645] Gupta,S.K.et al.,Innate.Immun.19(2013):86-97
- [0646] Haass,N.K.et al.,Pigment Cell Res 18(2005):150-159
- [0647] Hammam,O.et al.,J Egypt.Soc.Parasitol.44(2014):733-740
- [0648] Harris,T.M.et al.,Arch.Pathol.Lab Med.139(2015):494-507
- [0649] Hatina,J.et al.,Neoplasma 59(2012):728-736
- [0650] Hatta,M.et al.,J Obstet.Gynaecol.Res 30(2004):53-58
- [0651] Hayes,D.C.et al.,Anticancer Res 26(2006):1567-1575
- [0652] He,C.S.et al.,Cell Physiol Biochem.40(2016):1221-1229
- [0653] He,X.et al.,Int.J Biol Macromol.72(2015):1081-1089
- [0654] Heidenreich,B.et al.,Curr.Opin.Genet.Dev.24(2014):30-37
- [0655] Heikinheimo,K.et al.,J Dent.Res 86(2007):544-549
- [0656] Heikinheimo,K.et al.,J Dent.Res 94(2015):101-111
- [0657] Herold-Mende,C.et al.,Cell Tissue Res 306(2001):399-408
- [0658] Higareda-Almaraz,J.C.et al.,BMC.Cancer 16(2016):680
- [0659] Hoadley,K.A.et al.,PLoS.Med 13(2016):e1002174
- [0660] Honrado,E.et al.,Crit Rev Oncol Hematol.59(2006):27-39
- [0661] Horiguchi,K.et al.,Oncogene 31(2012):3190-3201
- [0662] Hu,J.et al.,Int.J Clin Exp.Pathol.8(2015):9182-9188
- [0663] Huang,Y.P.et al.,Biomedicine.6(2016):3
- [0664] Huang,Y.Z.et al.,Sci.Rep.4(2014):4570
- [0665] Huber,A.R.et al.,BMC.Gastroenterol.15(2015):80
- [0666] Hwang,M.L.et al.,J Immunol.179(2007):5829-5838
- [0667] Hwang,Y.S.et al.,J Cancer Prev.20(2015):121-128
- [0668] Ida-Yonemochi,H.et al.,Mod.Pathol.25(2012):784-794
- [0669] Iino,I.et al.,Cancer Sci.104(2013):624-630
- [0670] Inamura,K.et al.,Lung Cancer 103(2017):44-51
- [0671] Ioana,M.et al.,J Gastrointestin.Liver Dis.19(2010):155-159
- [0672] Iorns,E.et al.,Breast Cancer Res Treat.135(2012):79-91
- [0673] Ishii,H.et al.,J Biol Chem 289(2014):27386-27399
- [0674] Ishimi,Y.et al.,J Biochem.157(2015):561-569
- [0675] Janakiram,M.et al.,Discov Med 14(2012):229-236

- [0676] Janakiram,M.et al.,Immunotherapy 8(2016):809-819
- [0677] Jiang,L.et al.,PLoS.One.9(2014):e94187
- [0678] Jiang,M.M.et al.,Zhongguo Shi Yan.Xue.Ye.Xue.ZaZhi.21(2013):821-829
- [0679] Jiang,R.et al.,J Biol Chem 286(2011):9127-9135
- [0680] Jiang,Y.et al.,Oncol Lett.10(2015):3826-3831
- [0681] Johnson,R.H.et al.,Oncotarget. (2015)
- [0682] Joosse,S.A.et al.,Clin CancerRes 18(2012):993-1003
- [0683] Jung,G.et al.,Proc Natl Acad Sci U S A 84(1987):4611-4615
- [0684] Jurcic,V.et al.,Histol.Histopathol.30(2015):945-953
- [0685] Juszczynski,P.et al.,Mol.Cell Biol 26(2006):5348-5359
- [0686] Kakuda,D.K.et al.,Biochim.Biophys.Acta 1414(1998):75-84
- [0687] Kan,T.et al.,Oncology 70(2006):25-33
- [0688] Kaplun,A.et al.,Crit Rev Eukaryot.Gene Expr.22(2012):249-258
- [0689] Kasthuri,R.S.et al.,J Clin Oncol 27(2009):4834-4838
- [0690] Katada,K.et al.,J Proteomics.75(2012):1803-1815
- [0691] Katoh,M.,Int.J Oncol 41(2012):1913-1918
- [0692] Kawakami,K.et al.,Int.J Oncol(2015)
- [0693] Kaz,A.M.et al.,Genes Chromosomes.Cancer 51(2012):384-393
- [0694] Kedde,M.et al.,Cell Cycle 7(2008):899-903
- [0695] Kettunen,E.et al.,Cancer Genet.Cytogenet.149(2004):98-106
- [0696] Kibbe,A.H.,Handbook ofPharmaceutical Excipients rd(2000)
- [0697] Kim,H.J.et al.,Anticancer Res 33(2013):1555-1561
- [0698] Kim,K.et al.,Int.J Colorectal Dis.23(2008a):569-580
- [0699] Kim,K.H.et al.,Nucleic Acids Res 43(2015):7462-7479
- [0700] Kim,S.W.et al.,Blood 111(2008b):1644-1653
- [0701] Kim,T.W.et al.,Oncotarget. (2016)
- [0702] Kim,Y.H.et al.,Ann.Surg.Oncol 18(2011):2338-2347
- [0703] Kinyamu,H.K.et al.,Mol.Carcinog 47(2008):845-885
- [0704] Kishikawa,T.et al.,Oncotarget.6(2015):8339-8352
- [0705] Kitchen,M.O.et al.,Epigenetics.11(2016):237-246
- [0706] Klawitter,J.et al.,Breast Cancer Res 12(2010):R16
- [0707] Knudsen,K.A.et al.,J Cell Biochem.95(2005):488-496
- [0708] Koba,S.et al.,Am.J Dermatopathol.37(2015):e31-e36
- [0709] Kobos,R.et al.,J Pathol.229(2013):743-754
- [0710] Koc,E.C.et al.,Mitochondrion.24(2015):113-121
- [0711] Kocaturk,B.et al.,Thromb.Res 129 Suppl 1(2012):S69-S75
- [0712] Kocaturk,B.et al.,J Thromb.Haemost.11 Suppl 1(2013):285-293
- [0713] Kohn,K.W.et al.,PLoS.One.9(2014):e99269
- [0714] Kolin,D.L.et al.,Biol Chem 395(2014):1087-1093

- [0715] Koringa,P.G.et al.,Vet.Comp Oncol(2013)
- [0716] Krepisch,A.C.et al.,Breast Cancer Res 14(2012):R24
- [0717] Krieg,A.M.,Nat Rev.Drug Discov.5(2006):471-484
- [0718] Kwok,H.F.et al.,Am.J Cancer Res 5(2015):52-71
- [0719] Kwon,J.et al.,Int J Oncol 43(2013):1523-1530
- [0720] Labrie,M.et al.,PLoS.One.10(2015):e0131307
- [0721] Labrie,M.et al.,Oncotarget.5(2014):7705-7721
- [0722] Lee,D.J.et al.,Cancer Biol Ther.10(2010):689-693
- [0723] Lee,D.M.et al.,Environ.Toxicol.Pharmacol.34(2012):858-868
- [0724] Lee,J.Y.et al.,Carcinogenesis 30(2009):1528-1531
- [0725] Lee,K.Y.et al.,J Med.35(2004):141-149
- [0726] Leiserson,M.D.et al.,Genome Biol 16(2015):160
- [0727] Leiserson,M.D.et al.,Genome Biol 17(2016):168
- [0728] Leung,F.et al.,Cancer Epidemiol.Biomarkers Prev.25(2016):1333-1340
- [0729] Lexander,H.et al.,Anal.Quant.Cytol.Histol.27(2005):263-272
- [0730] Li,J.et al.,Chin Med J(Engl.)122(2009):486-495
- [0731] Li,J.Z.et al.,Chin Med.J(Engl.)121(2008):1882-1890
- [0732] Li,L.et al.,Asian Pac.J Cancer Prev.13(2012a):3265-3270
- [0733] Li,T.et al.,Exp.Dermatol.24(2015):342-348
- [0734] Li,W.Q.et al.,Carcinogenesis 34(2013):1536-1542
- [0735] Li,X.et al.,Oncogene 23(2004):1474-1480
- [0736] Li,X.et al.,Biochem.Biophys.Res Commun.419(2012b):148-153
- [0737] Li,Y.et al.,J Cell Physiol 212(2007):675-681
- [0738] Lian,M.et al.,PLoS.One.8(2013):e84854
- [0739] Liddy,N.et al.,Nat Med.18(2012):980-987
- [0740] Lim,L.C.et al.,Pathol.Oncol Res 22(2016):169-177
- [0741] Lima,L.G.et al.,Biosci.Rep.33(2013)
- [0742] Lin,C.S.et al.,Cancer Lett.368(2015):36-45
- [0743] Lin,H.S.et al.,Arch.Otolaryngol.HeadNeck Surg.130(2004):311-316
- [0744] Lion,M.et al.,Cell Cycle 12(2013):1211-1224
- [0745] Liu,C.L.et al.,Eur.Rev MedPharmacol.Sci.20(2016):4466-4473
- [0746] Liu,D.Q.et al.,Sci.Rep.5(2015):11955
- [0747] Liu,J.et al.,J Biochem.148(2010):659-667
- [0748] Liu,Y.et al.,Oncol Rep.18(2007):943-951
- [0749] Ljunggren,H.G.et al.,J Exp.Med.162(1985):1745-1759
- [0750] Llorente,A.et al.,J Cell Sci.117(2004):5343-5351
- [0751] Lo,W.Y.et al.,J Proteomics.77(2012):154-166
- [0752] Lonardo,F.et al.,Curr.Pharm.Des 16(2010):1877-1881

- [0753] Longenecker,B.M.et al.,Ann N.Y.Acad.Sci.690(1993):276-291
- [0754] Lonsdale,J.,Nat.Genet.45(2013):580-585
- [0755] Loos,M.et al.,Clin Dev.Immunol.2010(2010):683875
- [0756] Low,K.C.et al.,Trends Biochem.Sci.38(2013):426-434
- [0757] Lu,J.J.et al.,Chin JNat Med.13(2015a):673-679
- [0758] Lu,Y.et al.,BMC.Mol.Biol 16(2015b):21
- [0759] Lu,Y.et al.,PLoS.One.8(2013):e73866
- [0760] Lubben,B.et al.,J Biol Chem 270(1995):11549-11554
- [0761] Lucito,R.et al.,Cancer Biol Ther.6(2007):1592-1599
- [0762] Lukas,T.J.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 78(1981):2791-2795
- [0763] Lundblad,R.L.,Chemical Reagents for Protein Modification 3rd(2004)
- [0764] Luo,D.et al.,Biochem.Biophys.Res Commun. (2016)
- [0765] Maass,N.et al.,Acta Oncol 39(2000):931-934
- [0766] Maerki,S.et al.,J Cell Biol 187(2009):791-800
- [0767] Man,Y.et al.,Tohoku J Exp.Med 234(2014):29-40
- [0768] Mange,A.et al.,J Proteomics.142(2016):114-121
- [0769] Marech,I.et al.,World J Gastroenterol.20(2014):8910-8920
- [0770] Marioni,G.et al.,Acta Otolaryngol.129(2009):476-480
- [0771] Markljung,E.et al.,PLoS.Biol 7(2009):e1000256
- [0772] Marshall,P.A.et al.,J Steroid Biochem.Mol.Biol 132(2012):147-159
- [0773] Martinez,O.et al.,PLoS.One.5(2010):e10398
- [0774] Masugi,Y.et al.,Lab Invest 95(2015):308-319
- [0775] Martin,S.F.et al.,Urol.Oncol 32(2014):309-316
- [0776] Matsumoto,K.et al.,Biomed.Res 35(2014):201-206
- [0777] Matsuzaka,K.et al.,Bull.Tokyo Dent.Coll.45(2004):229-233
- [0778] McDoniels-Silvers,A.L.et al.,Clin CancerRes 8(2002):1127-1138
- [0779] Mei,Z.Z.et al.,J Biol Chem 291(2016):18176-18189
- [0780] Melaiu,O.et al.,Mutat.Res 771(2015):6-12
- [0781] Meschenmoser,K.et al.,In Vivo 27(2013):431-442
- [0782] Meslin,F.et al.,Cancer Res 67(2007):10910-10919
- [0783] Messina,M.et al.,Blood 123(2014):2378-2388
- [0784] Meziere,C.et al.,J Immunol 159(1997):3230-3237
- [0785] Min,L.et al.,Histopathology 67(2015):677-688
- [0786] Misago,N.et al.,J Dermatol.43(2016):439-442
- [0787] Mitchell,S.M.et al.,BMC.Cancer 14(2014):54
- [0788] Mlacki,M.et al.,PLoS.One.9(2014):e89247
- [0789] Morgan,P.R.et al.,Eur.J Cancer B Oral Oncol 30B(1994):160-166
- [0790] Morgan,R.A.et al.,Science 314(2006):126-129
- [0791] Mori,M.et al.,Transplantation 64(1997):1017-1027

- [0792] Morris,L.G.et al.,Nat Genet.45(2013):253-261
- [0793] Morris,M.R.et al.,Oncogene 30(2011):1390-1401
- [0794] Mortara,L.et al.,Clin Cancer Res.12(2006):3435-3443
- [0795] Moskvina,L.V.et al.,Arkh.Patol.72(2010):58-61
- [0796] Mountzios,G.et al.,Ann.Oncol 25(2014):1889-1900
- [0797] Mueller,L.N.et al.,J Proteome.Res 7(2008):51-61
- [0798] Mueller,L.N.et al.,Proteomics.7(2007):3470-3480
- [0799] Mumberg,D.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 96(1999):8633-8638
- [0800] Muramatsu,T.et al.,Oral Oncol 39(2003):199-203
- [0801] Mussai,F.et al.,Blood 125(2015):2386-2396
- [0802] Myklebust,M.P.et al.,Br.J Cancer 106(2012):756-762
- [0803] Naeem,A.S.et al.,Cell Death.Differ.22(2015):2123-2132
- [0804] Nagappan,A.et al.,BMC.Biochem.14(2013):24
- [0805] Nagata,M.et al.,PLoS.One.9(2014):e93164
- [0806] Narayanan,B.A.,Curr.Cancer Drug Targets.6(2006):711-727
- [0807] Narisawa,Y.et al.,J Dermatol.42(2015):445-452
- [0808] National Cancer Institute, (5-6-2015),www.cancer.gov
- [0809] Natsuga,K.et al.,J Invest Dermatol. (2015)
- [0810] Natsuga,K.et al.,J Invest Dermatol.136(2016):99-106
- [0811] Neumann,M.et al.,Blood 121(2013):4749-4752
- [0812] North,J.P.et al.,Am.J Surg.Pathol.39(2015):1347-1356
- [0813] Novak,B.et al.,Naunyn Schmiedebergs Arch.Pharmacol.384(2011):583-602
- [0814] Nygren,M.K.et al.,Front Biosci. (Elite.Ed)3(2011):989-993
- [0815] Oehler,V.G.et al.,Blood 114(2009):3292-3298
- [0816] Oh,H.R.et al.,Cell Oncol(Dordr.)37(2014):455-461
- [0817] Oi,N.et al.,Oncogene 34(2015):2660-2671
- [0818] Oikonomopoulou,K.et al.,Biol Chem 391(2010):299-310
- [0819] Ormanns,S.et al.,Br.J Cancer 113(2015):1460-1466
- [0820] Otsubo,T.et al.,CancerMed 4(2015):415-425
- [0821] Palacios,J.et al.,Pathobiology 75(2008):85-94
- [0822] Papagerakis,S.et al.,Hum.Pathol.34(2003):565-572
- [0823] Paparella,M.L.et al.,J Oral Pathol.Med 44(2015):801-809
- [0824] Paredes,J.et al.,Breast Cancer Res 9(2007):214
- [0825] Paredes,J.et al.,Biochim.Biophys.Acta 1826(2012):297-311
- [0826] Park,J.Y.et al.,Oncotarget.6(2015a):5342-5353
- [0827] Park,Y.H.et al.,Int.J Cancer 136(2015b):1976-1984
- [0828] Pereira,P.M.et al.,Org.Biomol.Chem.12(2014):1804-1811
- [0829] Perrin,C.et al.,Am.JDermatopathol.33(2011):131-139
- [0830] Persson,F.et al.,Cancer Lett.260(2008):37-47

- [0831] Pickering,C.R.et al.,Clin CancerRes 20(2014):6582-6592
- [0832] Pierce,A.et al.,Mol.Cell Proteomics.7(2008):853-863
- [0833] Pigullo,S.et al.,Pediatr.Blood Cancer 52(2009):376-378
- [0834] Pinheiro,J.et al.,nlme:Linear and Nonlinear Mixed Effects Models ([http://CRAN.R-](http://CRAN.R-project.org/package=nlme)
- [0835] [project.org/packe=nlme](http://CRAN.R-project.org/package=nlme)) (2015)
- [0836] Piura,B.et al.,Harefuah 144(2005):261-5,303,302
- [0837] Plebanski,M.et al.,Eur.J Immunol 25(1995):1783-1787
- [0838] Poligone,B.et al.,J Invest Dermatol.135(2015):869-876
- [0839] Polotskaia,A.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 112(2015):E1220-E1229
- [0840] Pondugula,S.et al.,Mol.Cell Biol 29(2009):4891-4905
- [0841] Porta,C.et al.,Virology 202(1994):949-955
- [0842] Preisz,K.et al.,Orv.Hetil.148(2007):979-983
- [0843] Probst,C.et al.,Clin Chim.Acta 410(2009):13-18
- [0844] Qiu,S.et al.,Cancer Sci. (2016)
- [0845] Qu,T.et al.,Mol.MedRep.14(2016):5041-5048
- [0846] Rafnar,T.et al.,Cancer Res 71(2011):1356-1361
- [0847] Ramakrishna,S.et al.,PLoS.One.7(2012):e37772
- [0848] Ramakrishna,S.et al.,J Biol Chem 286(2011):10505-10514
- [0849] Ramani,D.et al.,Clin Nutr.33(2014):14-22
- [0850] Ramani,V.C.et al.,BMC.Cancer 8(2008):373
- [0851] Ramena,G.et al.,PLoS.One.11(2016):e0147489
- [0852] Rammensee,H.et al.,Immunogenetics 50(1999):213-219
- [0853] Rashid,R.et al.,Mol.Cell 21(2006):249-260
- [0854] Rastelli,F.et al.,Tumori 96(2010):875-888
- [0855] Ratovitski,E.A.,FEBS Lett.587(2013):3581-3586
- [0856] RefSeq,The NCBI handbook[Internet],Chapter 18, (2002) ,
- [0857] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21091/>
- [0858] Remmelink,M.et al.,Histopathology 58(2011):543-556
- [0859] Resende,C.et al.,Helicobacter.16 Suppl 1(2011):38-44
- [0860] Reyes,C.et al.,Appl.Immunohistochem.Mol.Morphol.21(2013):283-286
- [0861] Ribeiro,A.S.et al.,Front Oncol 4(2014):371
- [0862] Riker,A.I.et al.,BMC.Med Genomics 1(2008):13
- [0863] Rini,B.I.et al.,Cancer 107(2006):67-74
- [0864] Rock,K.L.et al.,Science 249(1990):918-921
- [0865] Rohan,S.et al.,Clin Cancer Res 12(2006):6937-6945
- [0866] Rohrbeck,A.et al.,PLoS.One.4(2009):e7315
- [0867] Rooney,M.S.et al.,Cell 160(2015):48-61
- [0868] Rotmann,A.et al.,Biochem.J 395(2006):117-123

- [0869] Rotty,J.D.et al.,J Cell Biol 197(2012):381-389
- [0870] Ruf,W.,Thromb.Res 130 Suppl 1(2012):S84-S87
- [0871] Ruf,W.et al.,J Thromb.Haemost.9 Suppl 1(2011):306-315
- [0872] Rui,X.et al.,Int.J Clin Exp.Pathol.8(2015):5435-5442
- [0873] Saaber,F.et al.,Pathol.Res Pract.211(2015):208-213
- [0874] Sabeti,S.et al.,Indian J Dermatol.58(2013):331-336
- [0875] Safadi,R.A.et al.,Oral Surg.Oral Med.Oral Pathol.Oral Radiol.121(2016):402-411
- [0876] Sager,R.et al.,Curr.Top.Microbiol.Immunol.213(Pt 1)(1996):51-64
- [0877] Saiki,R.K.et al.,Science 239(1988):487-491
- [0878] Salas,S.et al.,Int.J Cancer 125(2009):851-860
- [0879] Saletta,F.et al.,BBA.Clin 1(2014):59-77
- [0880] Sanchez-Palencia,A.et al.,Int.J Cancer 129(2011):355-364
- [0881] Sasaki,Y.et al.,Cancer Biol Ther.13(2012):1512-1521
- [0882] Sato,T.et al.,Oncogene 33(2014):2215-2224
- [0883] Sauer,H.et al.,Free Radic.Biol Med 27(1999):1276-1283
- [0884] Sawada,K.et al.,J Oral Sci.58(2016):325-331
- [0885] Schmitt-Graeff,A.et al.,Histopathology 51(2007):87-97
- [0886] Schrader,C.H.et al.,Mol.Cancer 14(2015):107
- [0887] Schulten,R.et al.,Naunyn Schmiedeberg's Arch.Pharmacol.385(2012):969-979
- [0888] Schumann,H.et al.,Br.J Dermatol.167(2012):929-936
- [0889] Scola,N.et al.,Br.J Dermatol.167(2012):591-597
- [0890] Seal,S.et al.,CancerRes 63(2003):8596-8599
- [0891] Sedda,S.et al.,World J Gastroenterol.20(2014):11977-11984
- [0892] Seeger,F.H.et al.,Immunogenetics 49(1999):571-576
- [0893] Seishima,M.et al.,Arch.Dermatol.140(2004):1500-1503
- [0894] Sellheyer,K.,J Cutan.Pathol.42(2015):90-101
- [0895] Sharifi,N.et al.,Prostate 67(2007):301-311
- [0896] Shen,M.et al.,Environ.Mol.Mutagen 50(2009):285-290
- [0897] Shen,X.et al.,Tumour.Biol 36(2015):7133-7142
- [0898] Sheng,S.,Front Biosci.9(2004):2733-2745
- [0899] Sherman,F.et al.,Laboratory Course Manual for Methods in Yeast Genetics(1986)
- [0900] Shi,L.et al.,BMC.Cancer 16(2016):815
- [0901] Shim,J.H.et al.,Cancer Prev.Res(Phila)3(2010):670-679
- [0902] Shimbo,T.et al.,PLoS.One.5(2010):e10566
- [0903] Shinmura,K.et al.,Dis.Markers 2014(2014):619273
- [0904] Shruthi,D.K.et al.,J Oral Maxillofac.Pathol.18(2014):365-371

- [0905] Sidiropoulos,K.G.et al.,Mol.Oncol 10(2016):993-1007
- [0906] Silveira,A.C.et al.,Cancer Lett.276(2009):32-37
- [0907] Singh-Jasuja,H.et al.,Cancer Immunol.Immunother.53(2004):187-195
- [0908] Sinha,N.et al.,Oral Oncol 49(2013):854-862
- [0909] Sivanathan,L.et al.,Prostate 74(2014):537-546
- [0910] Sizemore,G.M.et al.,J Biol Chem 289(2014):24102-24113
- [0911] Skipworth,R.J.et al.,Int.J Oncol 36(2010):973-982
- [0912] Slaga,T.J.et al.,Prog.Clin Biol Res 391(1995):1-20
- [0913] Small,E.J.et al.,J Clin Oncol.24(2006):3089-3094
- [0914] Smith,K.T.et al.,Mol.Cell Proteomics.11(2012):1815-1828
- [0915] Sobolik-Delmaire,T.et al.,Cell Commun.Adhes.14(2007):99-109
- [0916] Solus,J.F.et al.,Int.J Surg.Pathol.24(2016):29-36
- [0917] Somasekharan,S.P.et al.,J Cell Biol 208(2015):913-929
- [0918] Song,B.et al.,Exp.Ther.Med 12(2016):2455-2468
- [0919] Soreide,K.et al.,J Pathol.209(2006):147-156
- [0920] Southgate,J.et al.,Histol.Histopathol.14(1999):657-664
- [0921] Sturm,M.et al.,BMC.Bioinformatics.9(2008):163
- [0922] Sun,B.C.et al.,Zhonghua Yi.Xue.Za Zhi.86(2006):1808-1812
- [0923] Sun,L.et al.,Mol.MedRep.12(2015a):4266-4272
- [0924] Sun,N.K.et al.,Oncotarget.6(2015b):27065-27082
- [0925] Sun,S.et al.,Gene 584(2016):90-96
- [0926] Suzuki,A.et al.,Cancer Sci.99(2008):986-994
- [0927] Swatler,J.et al.,Postepy Hig.MedDosw. (Online.)70(2016):25-42
- [0928] Swoboda,R.K.et al.,CancerRes 67(2007):3555-3559
- [0929] Tai,G.et al.,PLoS.One.8(2013):e81167
- [0930] Taintor,A.R.et al.,J Am.Acad.Dermatol.56(2007):S73-S76
- [0931] Tamir,A.et al.,J Ovarian.Res 7(2014):109
- [0932] Tamm-Rosenstein,K.et al.,PLoS.One.8(2013):e68907
- [0933] Tang,B.et al.,Oncotarget.6(2015a):12723-12739
- [0934] Tang,H.B.et al.,Zhonghua Yi.Xue.ZaZhi.88(2008):1553-1556
- [0935] Tang,X.H.et al.,Oncotarget.6(2015b):24424-24435
- [0936] Taniguchi,T.et al.,Nat Med 9(2003):568-574
- [0937] Taoka,Y.et al.,Biomed.Res 36(2015):253-261
- [0938] Tauber,S.et al.,Mol.Cancer 9(2010):200
- [0939] Teles,Alves,I et al.,Oncogene 34(2015):568-577
- [0940] Tennenbaum,T.et al.,J Investig.Dermatol.Symp.Proc.1(1996):157-161
- [0941] Teo,C.R.et al.,Cell Signal.28(2016):1479-1488
- [0942] Terada,T.,Int.J Clin Exp.Pathol.5(2012):596-600
- [0943] Teufel,R.et al.,Cell Mol Life Sci.62(2005):1755-1762



- [0944] Tian,S.Y.et al.,Int.J Clin Exp.Pathol.7(2014):3752-3762
- [0945] Timar,J.et al.,Clin Exp.Metastasis 27(2010):371-387
- [0946] Tomlinson,R.L.et al.,Mol.Biol Cell 19(2008):3793-3800
- [0947] Tonoike,Y.et al.,BMC.Cell Biol 12(2011):41
- [0948] Tran,E.et al.,Science 344(2014):641-645
- [0949] Trojandt,S.et al.,Hum.Immunol.77(2016):1223-1231
- [0950] Tsuji,A.B.et al.,Biochem.Biophys.Res Commun.333(2005):1370-1377
- [0951] Tsutsui,M.et al.,Int.J Oncol 47(2015):867-874
- [0952] Ueda,S.et al.,Cancer Res 64(2004):5672-5676
- [0953] Vadie,N.et al.,RNA.Biol 12(2015):893-899
- [0954] Vakrakou,A.et al.,Biol Chem 395(2014):1105-1117
- [0955] Valletta,D.et al.,Carcinogenesis 35(2014):1407-1415
- [0956] Vanaja,D.K.et al.,Cancer Res 63(2003):3877-3882
- [0957] Vasca,V.et al.,Oncol Lett.8(2014):2501-2504
- [0958] Vieira,A.F.et al.,Mol.Cancer 14(2015):178
- [0959] Vigneswaran,N.et al.,Oral Maxillofac.Surg.ClinNorth Am.26(2014):123-141
- [0960] Vliet-Gregg,P.A.et al.,Virology 478(2015):50-60
- [0961] Volkmer,J.P.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 109(2012):2078-2083
- [0962] Walia,V.et al.,Cancer Res 69(2009):6624-6632
- [0963] Walia,V.et al.,Oncogene 31(2012):2237-2246
- [0964] Walter,S.et al.,J Immunol 171(2003):4974-4978
- [0965] Walter,S.et al.,Nat Med.18(2012):1254-1261
- [0966] Wang,J.et al.,Br.J Dermatol.153(2005):558-564
- [0967] Wang,L.et al.,J Cutan.Pathol.42(2015a):361-367
- [0968] Wang,L.et al.,Int.J Cancer 134(2014a):2764-2771
- [0969] Wang,L.et al.,Tumour.Biol 37(2016a):14939-14947
- [0970] Wang,M.et al.,Exp.Dermatol.23(2014b):636-638
- [0971] Wang,S.et al.,Cytokine 86(2016b):110-118
- [0972] Wang,X.et al.,Oncotarget.7(2016c):22911-22927
- [0973] Wang,X.et al.,Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 110(2013):15997-16002
- [0974] Wang,X.et al.,Mol.Cell Biol 27(2007):3098-3108
- [0975] Wang,X.et al.,Eur.J Pharmacol.768(2015b):116-122
- [0976] Wang,X.et al.,Sci.Rep.6(2016d):19006
- [0977] Wang,X.et al.,Int.J Biol Markers 29(2014c):e150-e159
- [0978] Wang,Z.S.et al.,Oncotarget.7(2016e):44266-44276
- [0979] Ward,A.M.et al.,RNA.Biol 8(2011):1173-1186
- [0980] Watanabe,T.et al.,Cancer Cell Int.10(2010):2
- [0981] Wheler,J.J.et al.,BMC.Cancer 15(2015):442

- [0982] Willcox,B.E.et al.,Protein Sci.8(1999):2418-2423
- [0983] Willers,I.M.et al.,Biochim.Biophys.Acta 1807(2011):543-551
- [0984] Williams,L.M.et al.,Aquat.Toxicol.180(2016):141-154
- [0985] Willis,S.et al.,Meta Gene 4(2015):129-141
- [0986] Winslow,S.et al.,Mol.Cancer 12(2013):156
- [0987] Witte,D.et al.,J Clin Med 5(2016)
- [0988] Wojtalewicz,N.et al.,PLoS.One.9(2014):e90461
- [0989] Wojtukiewicz,M.Z.et al.,Cancer Metastasis Rev 34(2015):775-796
- [0990] Wong,M.P.et al.,Pathology 40(2008):611-616
- [0991] World Health Organization, (2014),<http://www.who.int/en/>
- [0992] Wreesmann,V.B.et al.,ORL J Otorhinolaryngol.Relat Spec.69(2007):218-225
- [0993] Wu,S.et al.,Oncotarget. (2016)
- [0994] Xi,Y.et al.,Monoclon.Antib.Immunodiagn.Immunother.34(2015):346-353
- [0995] Xie,C.et al.,Sci.Rep.6(2016a):27528
- [0996] Xie,X.et al.,Obesity. (Silver.Spring)24(2016b):389-397
- [0997] Xin,Z.et al.,Virchows Arch.465(2014):35-47
- [0998] Xu,C.et al.,PLoS.Genet.9(2013):e1003169
- [0999] Xu,X.et al.,Proteomics.10(2010):1374-1390
- [1000] Xue,L.Y.et al.,Zhonghua Zhong.Liu Za Zhi.32(2010):838-844
- [1001] Yadav,R.et al.,JNeurochem.133(2015):857-869
- [1002] Yamaguchi,T.et al.,Exp.Dermatol.22(2013):840-842
- [1003] Yamazaki,K.,Ultrastruct.Pathol.31(2007):209-219
- [1004] Yang,C.et al.,Tumour.Biol(2015)
- [1005] Yang,F.et al.,Biomed.Rep.4(2016a):681-686
- [1006] Yang,H.Y.et al.,J Proteomics.75(2012a):3639-3653
- [1007] Yang,J.et al.,Curr.Opin.Oncol 25(2013):398-406
- [1008] Yang,L.et al.,Carcinogenesis 33(2012b):1863-1870
- [1009] Yang,L.et al.,J Biol Chem 291(2016b):3905-3917
- [1010] Ye,Z.et al.,Cell Physiol Biochem.39(2016):1568-1580
- [1011] Yermachenko,A.et al.,Gene 590(2016):85-89
- [1012] Yi,K.H.et al.,Immunol.Rev 229(2009):145-151
- [1013] Yi,Y.et al.,Mol.Cytogenet.2(2009):18
- [1014] Yong,A.A.et al.,Australas.J Dermatol.54(2013):241-250
- [1015] Yongjun Zhang,M.M.et al.,J Cancer Res Ther.9(2013):660-663
- [1016] Yu,X.J.et al.,EBioMedicine 2(2015a):583-590
- [1017] Yu,Y.et al.,ACS Appl.Mater.Interfaces.7(2015b):4401-4405
- [1018] Yu,Y.et al.,PLoS.One.8(2013):e83943
- [1019] Yun,C.W.et al.,Anticancer Res 36(2016):4449-4458

- [1020] Zaremba,S.et al.,Cancer Res.57(1997):4570-4577
- [1021] Zdrojewicz,Z.et al.,Postepy Hig.MedDosw. (Online.)68(2014):393-403
- [1022] Zekri,A.R.et al.,Asian Pac.J Cancer Prev.16(2015):3543-3549
- [1023] Zhang,H.et al.,Oncotarget.6(2015):17039-17053
- [1024] Zhang,Q.et al.,Endocrinology 143(2002):4788-4796
- [1025] Zhang,S.et al.,J Mol.Histol.45(2014a):283-292
- [1026] Zhang,W.et al.,Tumori 100(2014b):338-345
- [1027] Zhang,Y.et al.,PLoS.One.7(2012):e30188
- [1028] Zhao,L.H.et al.,Genet.Mol.Res 14(2015):5417-5426
- [1029] Zhao,L.J.et al.,Chin Med.J(Engl.)126(2013):4260-4264
- [1030] Zhao,S.et al.,Clin Cancer Res 23(2017):311-319
- [1031] Zheng,G.et al.,FEBS J 277(2010):4506-4518
- [1032] Zhou,L.et al.,Int.J Cancer 135(2014):2329-2337
- [1033] Zhou,P.et al.,Eur.J Cancer Prev.21(2012):231-240
- [1034] Zhou,X.et al.,Oncotarget.7(2016):67196-67211
- [1035] Zhu,X.et al.,J Dermatol.34(2007):503-511
- [1036] Zhu,Y.et al.,Mol.Biol Cell 15(2004):81-90
- [1037] Ziari,K.et al.,Biologicals 43(2015):181-185
- [1038] Ziegler,A.et al.,Cancer Lett.326(2012):1-7
- [1039] Zimmermann,J.et al.,J Dtsch.Dermatol.Ges.8(2010):598-606
- [1040] Zubor,P.et al.,Mol.Biol.Rep.42(2015):977-988

[0001]	序列表
[0002]	<110> 伊玛提克斯生物技术有限公司
[0003]	<120> 用于头颈鳞状细胞癌和其他癌症免疫治疗的新型肽和支架
[0004]	<130> I32988W0
[0005]	<150> DE102016115974.3
[0006]	<151> 2016-08-26
[0007]	<150> US 62/379,864
[0008]	<151> 2016-08-26
[0009]	<160> 158
[0010]	<170> PatentIn版本3.5
[0011]	<210> 1
[0012]	<211> 13
[0013]	<212> PRT
[0014]	<213> 智人(Homo sapiens)
[0015]	<400> 1
[0016]	Gly Leu Ala Gly Gly Phe Gly Gly Pro Gly Phe Pro Val
[0017]	1                    5                        10
[0018]	<210> 2
[0019]	<211> 11
[0020]	<212> PRT
[0021]	<213> 智人
[0022]	<400> 2
[0023]	Pro Val Cys Pro Pro Gly Gly Ile Gln Glu Val
[0024]	1                    5                        10
[0025]	<210> 3
[0026]	<211> 13
[0027]	<212> PRT
[0028]	<213> 智人
[0029]	<400> 3
[0030]	Ser Leu Tyr Gly Leu Gly Gly Ser Lys Arg Ile Ser Ile
[0031]	1                    5                        10
[0032]	<210> 4
[0033]	<211> 10
[0034]	<212> PRT
[0035]	<213> 智人
[0036]	<400> 4
[0037]	Ile Leu Asp Ile Asn Asp Asn Pro Pro Val
[0038]	1                    5                        10

[0039]	<210>	5	
[0040]	<211>	10	
[0041]	<212>	PRT	
[0042]	<213>	智人	
[0043]	<400>	5	
[0044]	Val Cys Pro Pro Gly Gly Ile Gln Glu Val		
[0045]	1	5	10
[0046]	<210>	6	
[0047]	<211>	10	
[0048]	<212>	PRT	
[0049]	<213>	智人	
[0050]	<400>	6	
[0051]	Ala Leu Tyr Asp Ala Glu Leu Ser Gln Met		
[0052]	1	5	10
[0053]	<210>	7	
[0054]	<211>	11	
[0055]	<212>	PRT	
[0056]	<213>	智人	
[0057]	<400>	7	
[0058]	Ala Leu Glu Glu Ala Asn Ala Asp Leu Glu Val		
[0059]	1	5	10
[0060]	<210>	8	
[0061]	<211>	11	
[0062]	<212>	PRT	
[0063]	<213>	智人	
[0064]	<400>	8	
[0065]	Ala Gln Leu Asn Ile Gly Asn Val Leu Pro Val		
[0066]	1	5	10
[0067]	<210>	9	
[0068]	<211>	10	
[0069]	<212>	PRT	
[0070]	<213>	智人	
[0071]	<400>	9	
[0072]	Ser Thr Ala Ser Ala Ile Thr Pro Ser Val		
[0073]	1	5	10
[0074]	<210>	10	
[0075]	<211>	10	
[0076]	<212>	PRT	
[0077]	<213>	智人	

[0078] <400> 10  
[0079] Thr Leu Trp Pro Ala Thr Pro Pro Lys Ala  
[0080] 1 5 10  
[0081] <210> 11  
[0082] <211> 9  
[0083] <212> PRT  
[0084] <213> 智人  
[0085] <400> 11  
[0086] Val Leu Phe Ser Ser Pro Pro Val Ile  
[0087] 1 5  
[0088] <210> 12  
[0089] <211> 9  
[0090] <212> PRT  
[0091] <213> 智人  
[0092] <400> 12  
[0093] Thr Leu Thr Asp Glu Ile Asn Phe Leu  
[0094] 1 5  
[0095] <210> 13  
[0096] <211> 9  
[0097] <212> PRT  
[0098] <213> 智人  
[0099] <400> 13  
[0100] Ser Leu Val Ser Tyr Leu Asp Lys Val  
[0101] 1 5  
[0102] <210> 14  
[0103] <211> 9  
[0104] <212> PRT  
[0105] <213> 智人  
[0106] <400> 14  
[0107] Arg Ile Met Glu Gly Ile Pro Thr Val  
[0108] 1 5  
[0109] <210> 15  
[0110] <211> 9  
[0111] <212> PRT  
[0112] <213> 智人  
[0113] <400> 15  
[0114] Ser Met Leu Asn Asn Ile Ile Asn Leu  
[0115] 1 5  
[0116] <210> 16

[0117]	<211> 9		
[0118]	<212> PRT		
[0119]	<213> 智人		
[0120]	<400> 16		
[0121]	Ala Leu Lys Asp Ser Val Gln Arg Ala		
[0122]	1	5	
[0123]	<210> 17		
[0124]	<211> 9		
[0125]	<212> PRT		
[0126]	<213> 智人		
[0127]	<400> 17		
[0128]	Ser Ile Trp Pro Ala Leu Thr Gln Val		
[0129]	1	5	
[0130]	<210> 18		
[0131]	<211> 9		
[0132]	<212> PRT		
[0133]	<213> 智人		
[0134]	<400> 18		
[0135]	Tyr Leu Tyr Pro Asp Leu Ser Arg Leu		
[0136]	1	5	
[0137]	<210> 19		
[0138]	<211> 9		
[0139]	<212> PRT		
[0140]	<213> 智人		
[0141]	<400> 19		
[0142]	Ala Leu Ala Lys Leu Leu Pro Leu Leu		
[0143]	1	5	
[0144]	<210> 20		
[0145]	<211> 11		
[0146]	<212> PRT		
[0147]	<213> 智人		
[0148]	<400> 20		
[0149]	Tyr Leu Ile Asn Glu Ile Asp Arg Ile Arg Ala		
[0150]	1	5	10
[0151]	<210> 21		
[0152]	<211> 9		
[0153]	<212> PRT		
[0154]	<213> 智人		
[0155]	<400> 21		

[0156]	Phe Leu His Glu Pro Phe Ser Ser Val
[0157]	1 5
[0158]	<210> 22
[0159]	<211> 10
[0160]	<212> PRT
[0161]	<213> 智人
[0162]	<400> 22
[0163]	Lys Leu Pro Glu Pro Cys Pro Ser Thr Val
[0164]	1 5 10
[0165]	<210> 23
[0166]	<211> 10
[0167]	<212> PRT
[0168]	<213> 智人
[0169]	<400> 23
[0170]	Ser Leu Pro Glu Ser Gly Leu Leu Ser Val
[0171]	1 5 10
[0172]	<210> 24
[0173]	<211> 9
[0174]	<212> PRT
[0175]	<213> 智人
[0176]	<400> 24
[0177]	Leu Leu Ile Ala Ile Asn Pro Gln Val
[0178]	1 5
[0179]	<210> 25
[0180]	<211> 11
[0181]	<212> PRT
[0182]	<213> 智人
[0183]	<400> 25
[0184]	Ser Leu Cys Pro Pro Gly Gly Ile Gln Glu Val
[0185]	1 5 10
[0186]	<210> 26
[0187]	<211> 11
[0188]	<212> PRT
[0189]	<213> 智人
[0190]	<400> 26
[0191]	Thr Leu Val Asp Glu Asn Gln Ser Trp Tyr Leu
[0192]	1 5 10
[0193]	<210> 27
[0194]	<211> 9



[0195] <212> PRT  
[0196] <213> 智人  
[0197] <400> 27  
[0198] Tyr Leu Ala Glu Pro Gln Trp Ala Val  
[0199] 1 5  
[0200] <210> 28  
[0201] <211> 11  
[0202] <212> PRT  
[0203] <213> 智人  
[0204] <400> 28  
[0205] Ala Val Asp Pro Val Ser Gly Ser Leu Tyr Val  
[0206] 1 5 10  
[0207] <210> 29  
[0208] <211> 9  
[0209] <212> PRT  
[0210] <213> 智人  
[0211] <400> 29  
[0212] Arg Leu Leu Pro Asp Leu Asp Glu Val  
[0213] 1 5  
[0214] <210> 30  
[0215] <211> 10  
[0216] <212> PRT  
[0217] <213> 智人  
[0218] <400> 30  
[0219] Thr Leu Ala Ser Leu Gly Tyr Ala Val Val  
[0220] 1 5 10  
[0221] <210> 31  
[0222] <211> 9  
[0223] <212> PRT  
[0224] <213> 智人  
[0225] <400> 31  
[0226] His Leu Ala Thr Val Lys Leu Leu Val  
[0227] 1 5  
[0228] <210> 32  
[0229] <211> 11  
[0230] <212> PRT  
[0231] <213> 智人  
[0232] <400> 32  
[0233] Ile Gln Asp Ala Glu Gly Ala Ile His Glu Val

---

[0234]	1	5	10
[0235]	<210>	33	
[0236]	<211>	10	
[0237]	<212>	PRT	
[0238]	<213>	智人	
[0239]	<400>	33	
[0240]	Ala Ile Tyr Glu Gly Val Gly Trp Asn Val		
[0241]	1	5	10
[0242]	<210>	34	
[0243]	<211>	9	
[0244]	<212>	PRT	
[0245]	<213>	智人	
[0246]	<400>	34	
[0247]	Ala Leu Asp Thr Phe Ser Val Gln Val		
[0248]	1	5	
[0249]	<210>	35	
[0250]	<211>	10	
[0251]	<212>	PRT	
[0252]	<213>	智人	
[0253]	<400>	35	
[0254]	Ala Leu Val Gly Asp Val Ile Leu Thr Val		
[0255]	1	5	10
[0256]	<210>	36	
[0257]	<211>	9	
[0258]	<212>	PRT	
[0259]	<213>	智人	
[0260]	<400>	36	
[0261]	Gly Leu Trp Ser Ser Ile Phe Ser Leu		
[0262]	1	5	
[0263]	<210>	37	
[0264]	<211>	9	
[0265]	<212>	PRT	
[0266]	<213>	智人	
[0267]	<400>	37	
[0268]	Ile Leu Leu Glu Asp Val Phe Gln Leu		
[0269]	1	5	
[0270]	<210>	38	
[0271]	<211>	9	
[0272]	<212>	PRT	

[0273]	<213>	智人
[0274]	<400>	38
[0275]	Lys Leu Leu Pro Gly Val Gln Tyr Val	
[0276]	1	5
[0277]	<210>	39
[0278]	<211>	11
[0279]	<212>	PRT
[0280]	<213>	智人
[0281]	<400>	39
[0282]	Leu Leu Pro Glu Asp Asp Thr Arg Asp Asn Val	
[0283]	1	5 10
[0284]	<210>	40
[0285]	<211>	9
[0286]	<212>	PRT
[0287]	<213>	智人
[0288]	<400>	40
[0289]	Leu Leu Thr Pro Leu Asn Leu Gln Ile	
[0290]	1	5
[0291]	<210>	41
[0292]	<211>	14
[0293]	<212>	PRT
[0294]	<213>	智人
[0295]	<400>	41
[0296]	Arg Leu Asn Gly Glu Gly Val Gly Gln Val Asn Ile Ser Val	
[0297]	1	5 10
[0298]	<210>	42
[0299]	<211>	9
[0300]	<212>	PRT
[0301]	<213>	智人
[0302]	<400>	42
[0303]	Ala Leu Tyr Thr Ser Gly His Leu Leu	
[0304]	1	5
[0305]	<210>	43
[0306]	<211>	9
[0307]	<212>	PRT
[0308]	<213>	智人
[0309]	<400>	43
[0310]	Ala Val Leu Gly Gly Lys Leu Tyr Val	
[0311]	1	5

[0312]	<210>	44	
[0313]	<211>	9	
[0314]	<212>	PRT	
[0315]	<213>	智人	
[0316]	<400>	44	
[0317]	Gly Leu Gly Asp Asp Ser Phe Pro Ile		
[0318]	1	5	
[0319]	<210>	45	
[0320]	<211>	10	
[0321]	<212>	PRT	
[0322]	<213>	智人	
[0323]	<400>	45	
[0324]	Gly Leu Ile Glu Trp Leu Glu Asn Thr Val		
[0325]	1	5	10
[0326]	<210>	46	
[0327]	<211>	10	
[0328]	<212>	PRT	
[0329]	<213>	智人	
[0330]	<400>	46	
[0331]	Gly Leu Ile Ser Ser Ile Glu Ala Gln Leu		
[0332]	1	5	10
[0333]	<210>	47	
[0334]	<211>	10	
[0335]	<212>	PRT	
[0336]	<213>	智人	
[0337]	<400>	47	
[0338]	Gln Leu Leu Glu Gly Glu Leu Glu Thr Leu		
[0339]	1	5	10
[0340]	<210>	48	
[0341]	<211>	9	
[0342]	<212>	PRT	
[0343]	<213>	智人	
[0344]	<400>	48	
[0345]	Tyr Leu Leu Asp Tyr Pro Asn Asn Leu		
[0346]	1	5	
[0347]	<210>	49	
[0348]	<211>	9	
[0349]	<212>	PRT	
[0350]	<213>	智人	

[0351] <400> 49  
[0352] Tyr Leu Trp Glu Ala His Thr Asn Ile  
[0353] 1 5  
[0354] <210> 50  
[0355] <211> 9  
[0356] <212> PRT  
[0357] <213> 智人  
[0358] <400> 50  
[0359] Ala Leu Ser Asn Val Val His Lys Val  
[0360] 1 5  
[0361] <210> 51  
[0362] <211> 9  
[0363] <212> PRT  
[0364] <213> 智人  
[0365] <400> 51  
[0366] Phe Leu Ile Pro Ser Ile Ile Phe Ala  
[0367] 1 5  
[0368] <210> 52  
[0369] <211> 10  
[0370] <212> PRT  
[0371] <213> 智人  
[0372] <400> 52  
[0373] Leu Leu Phe Thr Gly Leu Val Ser Gly Val  
[0374] 1 5 10  
[0375] <210> 53  
[0376] <211> 11  
[0377] <212> PRT  
[0378] <213> 智人  
[0379] <400> 53  
[0380] Arg Leu Val Glu Val Gly Gly Asp Val Gln Leu  
[0381] 1 5 10  
[0382] <210> 54  
[0383] <211> 10  
[0384] <212> PRT  
[0385] <213> 智人  
[0386] <400> 54  
[0387] Arg Leu Ser Gly Glu Gly Val Gly Pro Val  
[0388] 1 5 10  
[0389] <210> 55

[0390] <211> 9  
[0391] <212> PRT  
[0392] <213> 智人  
[0393] <400> 55  
[0394] Val Leu Asn Val Gly Val Ala Glu Val  
[0395] 1 5  
[0396] <210> 56  
[0397] <211> 9  
[0398] <212> PRT  
[0399] <213> 智人  
[0400] <400> 56  
[0401] Phe Leu Gln Leu Glu Thr Glu Gln Val  
[0402] 1 5  
[0403] <210> 57  
[0404] <211> 10  
[0405] <212> PRT  
[0406] <213> 智人  
[0407] <400> 57  
[0408] Ala Ile Leu Gly Phe Ala Leu Ser Glu Ala  
[0409] 1 5 10  
[0410] <210> 58  
[0411] <211> 9  
[0412] <212> PRT  
[0413] <213> 智人  
[0414] <400> 58  
[0415] Ser Leu Ser Asp Ile Gln Pro Cys Leu  
[0416] 1 5  
[0417] <210> 59  
[0418] <211> 9  
[0419] <212> PRT  
[0420] <213> 智人  
[0421] <400> 59  
[0422] Tyr Leu Gln Asn Glu Val Phe Gly Leu  
[0423] 1 5  
[0424] <210> 60  
[0425] <211> 10  
[0426] <212> PRT  
[0427] <213> 智人  
[0428] <400> 60

[0429]	Ser Leu Gly Asn Phe Lys Asp Asp Leu Leu
[0430]	1 5 10
[0431]	<210> 61
[0432]	<211> 9
[0433]	<212> PRT
[0434]	<213> 智人
[0435]	<400> 61
[0436]	Phe Val Ala Gly Tyr Ile Ala Gly Val
[0437]	1 5
[0438]	<210> 62
[0439]	<211> 9
[0440]	<212> PRT
[0441]	<213> 智人
[0442]	<400> 62
[0443]	Ile Leu Ser Ser Ala Cys Tyr Thr Val
[0444]	1 5
[0445]	<210> 63
[0446]	<211> 11
[0447]	<212> PRT
[0448]	<213> 智人
[0449]	<400> 63
[0450]	Ala Leu Met Asp Glu Ile Asn Phe Met Lys Met
[0451]	1 5 10
[0452]	<210> 64
[0453]	<211> 10
[0454]	<212> PRT
[0455]	<213> 智人
[0456]	<400> 64
[0457]	Lys Ile Leu Glu Ser Leu Phe Val Ser Leu
[0458]	1 5 10
[0459]	<210> 65
[0460]	<211> 10
[0461]	<212> PRT
[0462]	<213> 智人
[0463]	<400> 65
[0464]	Ala Leu Trp Gly Phe Phe Pro Val Leu Leu
[0465]	1 5 10
[0466]	<210> 66
[0467]	<211> 9

[0468] <212> PRT  
[0469] <213> 智人  
[0470] <400> 66  
[0471] Thr Leu Leu Ser Glu Ile Ala Glu Leu  
[0472] 1 5  
[0473] <210> 67  
[0474] <211> 9  
[0475] <212> PRT  
[0476] <213> 智人  
[0477] <400> 67  
[0478] Ala Gln Leu Asn Leu Ile Trp Gln Leu  
[0479] 1 5  
[0480] <210> 68  
[0481] <211> 10  
[0482] <212> PRT  
[0483] <213> 智人  
[0484] <400> 68  
[0485] Lys Ile Leu Glu Met Asp Asp Pro Arg Ala  
[0486] 1 5 10  
[0487] <210> 69  
[0488] <211> 9  
[0489] <212> PRT  
[0490] <213> 智人  
[0491] <400> 69  
[0492] Tyr Val Met Glu Ser Met Thr Tyr Leu  
[0493] 1 5  
[0494] <210> 70  
[0495] <211> 9  
[0496] <212> PRT  
[0497] <213> 智人  
[0498] <400> 70  
[0499] Phe Leu Phe Pro Ala Phe Leu Thr Ala  
[0500] 1 5  
[0501] <210> 71  
[0502] <211> 9  
[0503] <212> PRT  
[0504] <213> 智人  
[0505] <400> 71  
[0506] Ser Leu Phe Pro Tyr Val Val Leu Ile



[0507]	1	5	
[0508]	<210>	72	
[0509]	<211>	9	
[0510]	<212>	PRT	
[0511]	<213>	智人	
[0512]	<400>	72	
[0513]	Ser Leu Asp Gly Asn Pro Leu Ala Val		
[0514]	1	5	
[0515]	<210>	73	
[0516]	<211>	10	
[0517]	<212>	PRT	
[0518]	<213>	智人	
[0519]	<400>	73	
[0520]	Tyr Ile Asp Pro Tyr Lys Leu Leu Pro Leu		
[0521]	1	5	10
[0522]	<210>	74	
[0523]	<211>	9	
[0524]	<212>	PRT	
[0525]	<213>	智人	
[0526]	<400>	74	
[0527]	Ser Leu Thr Ser Phe Leu Ile Ser Leu		
[0528]	1	5	
[0529]	<210>	75	
[0530]	<211>	9	
[0531]	<212>	PRT	
[0532]	<213>	智人	
[0533]	<400>	75	
[0534]	Ala Leu Ala Ser Ala Pro Thr Ser Val		
[0535]	1	5	
[0536]	<210>	76	
[0537]	<211>	10	
[0538]	<212>	PRT	
[0539]	<213>	智人	
[0540]	<400>	76	
[0541]	Ile Leu Phe Asp Glu Val Leu Thr Phe Ala		
[0542]	1	5	10
[0543]	<210>	77	
[0544]	<211>	9	
[0545]	<212>	PRT	

[0546] <213> 智人  
[0547] <400> 77  
[0548] Ser Leu Arg Ala Phe Leu Met Pro Ile  
[0549] 1 5  
[0550] <210> 78  
[0551] <211> 9  
[0552] <212> PRT  
[0553] <213> 智人  
[0554] <400> 78  
[0555] Val Leu Tyr Gly Asp Val Glu Glu Leu  
[0556] 1 5  
[0557] <210> 79  
[0558] <211> 11  
[0559] <212> PRT  
[0560] <213> 智人  
[0561] <400> 79  
[0562] Gly Leu His Gln Asp Phe Pro Ser Val Val Leu  
[0563] 1 5 10  
[0564] <210> 80  
[0565] <211> 11  
[0566] <212> PRT  
[0567] <213> 智人  
[0568] <400> 80  
[0569] Gly Leu Tyr Gly Ile Lys Asp Asp Val Phe Leu  
[0570] 1 5 10  
[0571] <210> 81  
[0572] <211> 11  
[0573] <212> PRT  
[0574] <213> 智人  
[0575] <400> 81  
[0576] Val Leu Ala Glu Asn Pro Asp Ile Phe Ala Val  
[0577] 1 5 10  
[0578] <210> 82  
[0579] <211> 10  
[0580] <212> PRT  
[0581] <213> 智人  
[0582] <400> 82  
[0583] Val Leu Asp Ile Asn Asp Asn Pro Pro Val  
[0584] 1 5 10

[0585] <210> 83  
[0586] <211> 9  
[0587] <212> PRT  
[0588] <213> 智人  
[0589] <400> 83  
[0590] Gln Leu Leu Gln Tyr Val Tyr Asn Leu  
[0591] 1 5  
[0592] <210> 84  
[0593] <211> 10  
[0594] <212> PRT  
[0595] <213> 智人  
[0596] <400> 84  
[0597] Ala Leu Met Ala Gly Cys Ile Gln Glu Ala  
[0598] 1 5 10  
[0599] <210> 85  
[0600] <211> 9  
[0601] <212> PRT  
[0602] <213> 智人  
[0603] <400> 85  
[0604] Gln Leu Ile Glu Lys Ile Thr Gln Val  
[0605] 1 5  
[0606] <210> 86  
[0607] <211> 9  
[0608] <212> PRT  
[0609] <213> 智人  
[0610] <400> 86  
[0611] Ser Leu Gln Glu Arg Gln Val Phe Leu  
[0612] 1 5  
[0613] <210> 87  
[0614] <211> 9  
[0615] <212> PRT  
[0616] <213> 智人  
[0617] <400> 87  
[0618] Ala Leu Pro Glu Pro Ser Pro Ala Ala  
[0619] 1 5  
[0620] <210> 88  
[0621] <211> 9  
[0622] <212> PRT  
[0623] <213> 智人

[0624] <400> 88  
[0625] Leu Met Ala Pro Ala Pro Ser Thr Val  
[0626] 1 5  
[0627] <210> 89  
[0628] <211> 9  
[0629] <212> PRT  
[0630] <213> 智人  
[0631] <400> 89  
[0632] Val Leu Asp Glu Gly Leu Thr Ser Val  
[0633] 1 5  
[0634] <210> 90  
[0635] <211> 10  
[0636] <212> PRT  
[0637] <213> 智人  
[0638] <400> 90  
[0639] Thr Leu Asn Asp Gly Val Val Val Gln Val  
[0640] 1 5 10  
[0641] <210> 91  
[0642] <211> 11  
[0643] <212> PRT  
[0644] <213> 智人  
[0645] <400> 91  
[0646] Met Leu Phe Glu Asn Met Gly Ala Tyr Thr Val  
[0647] 1 5 10  
[0648] <210> 92  
[0649] <211> 9  
[0650] <212> PRT  
[0651] <213> 智人  
[0652] <400> 92  
[0653] Ile Leu Leu Asp Val Lys Thr Arg Leu  
[0654] 1 5  
[0655] <210> 93  
[0656] <211> 9  
[0657] <212> PRT  
[0658] <213> 智人  
[0659] <400> 93  
[0660] Ala Leu Ser Asn Val Ile His Lys Val  
[0661] 1 5  
[0662] <210> 94

[0663] <211> 10  
[0664] <212> PRT  
[0665] <213> 智人  
[0666] <400> 94  
[0667] Ser Ile Phe Glu Gly Leu Leu Ser Gly Val  
[0668] 1 5 10  
[0669] <210> 95  
[0670] <211> 10  
[0671] <212> PRT  
[0672] <213> 智人  
[0673] <400> 95  
[0674] Ser Leu Asp Glu Asn Ser Asp Gln Gln Val  
[0675] 1 5 10  
[0676] <210> 96  
[0677] <211> 13  
[0678] <212> PRT  
[0679] <213> 智人  
[0680] <400> 96  
[0681] Phe Gln Leu Asp Pro Ser Ser Gly Val Leu Val Thr Val  
[0682] 1 5 10  
[0683] <210> 97  
[0684] <211> 9  
[0685] <212> PRT  
[0686] <213> 智人  
[0687] <400> 97  
[0688] Leu Ile Leu Glu Ser Ile Pro Val Val  
[0689] 1 5  
[0690] <210> 98  
[0691] <211> 9  
[0692] <212> PRT  
[0693] <213> 智人  
[0694] <400> 98  
[0695] Ser Leu Tyr Lys Gly Leu Leu Ser Val  
[0696] 1 5  
[0697] <210> 99  
[0698] <211> 9  
[0699] <212> PRT  
[0700] <213> 智人  
[0701] <400> 99

[0702]	Thr Ala Ser Ala Ile Thr Pro Ser Val
[0703]	1 5
[0704]	<210> 100
[0705]	<211> 10
[0706]	<212> PRT
[0707]	<213> 智人
[0708]	<400> 100
[0709]	Val Leu Val Ser Asp Gly Val His Ser Val
[0710]	1 5 10
[0711]	<210> 101
[0712]	<211> 11
[0713]	<212> PRT
[0714]	<213> 智人
[0715]	<400> 101
[0716]	Gly Leu Leu Pro Ser Ala Glu Ser Ile Lys Leu
[0717]	1 5 10
[0718]	<210> 102
[0719]	<211> 11
[0720]	<212> PRT
[0721]	<213> 智人
[0722]	<400> 102
[0723]	Thr Leu Ala Glu Leu Gln Pro Pro Val Gln Leu
[0724]	1 5 10
[0725]	<210> 103
[0726]	<211> 9
[0727]	<212> PRT
[0728]	<213> 智人
[0729]	<400> 103
[0730]	Val Leu Ala Glu Gly Gly Glu Gly Val
[0731]	1 5
[0732]	<210> 104
[0733]	<211> 9
[0734]	<212> PRT
[0735]	<213> 智人
[0736]	<400> 104
[0737]	Ser Leu Ser Pro Val Ile Leu Gly Val
[0738]	1 5
[0739]	<210> 105
[0740]	<211> 9

[0741] <212> PRT  
[0742] <213> 智人  
[0743] <400> 105  
[0744] Ser Thr Tyr Gly Gly Gly Leu Ser Val  
[0745] 1 5  
[0746] <210> 106  
[0747] <211> 9  
[0748] <212> PRT  
[0749] <213> 智人  
[0750] <400> 106  
[0751] Val Leu Val Asp Gln Ser Trp Val Leu  
[0752] 1 5  
[0753] <210> 107  
[0754] <211> 9  
[0755] <212> PRT  
[0756] <213> 智人  
[0757] <400> 107  
[0758] Tyr Leu Glu Glu Asp Val Tyr Gln Leu  
[0759] 1 5  
[0760] <210> 108  
[0761] <211> 13  
[0762] <212> PRT  
[0763] <213> 智人  
[0764] <400> 108  
[0765] Ser Leu Tyr Asn Leu Gly Gly Ser Lys Arg Ile Ser Ile  
[0766] 1 5 10  
[0767] <210> 109  
[0768] <211> 9  
[0769] <212> PRT  
[0770] <213> 智人  
[0771] <400> 109  
[0772] Lys Ile Gln Glu Ile Leu Thr Gln Val  
[0773] 1 5  
[0774] <210> 110  
[0775] <211> 9  
[0776] <212> PRT  
[0777] <213> 智人  
[0778] <400> 110  
[0779] Leu Leu Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ala

[0780]	1	5	
[0781]	<210>	111	
[0782]	<211>	11	
[0783]	<212>	PRT	
[0784]	<213>	智人	
[0785]	<400>	111	
[0786]	Ser Leu Ala Pro Gly Asp Val Val Arg Gln Val		
[0787]	1	5	10
[0788]	<210>	112	
[0789]	<211>	13	
[0790]	<212>	PRT	
[0791]	<213>	智人	
[0792]	<400>	112	
[0793]	Ala Leu Leu Asp Gly Gly Ser Glu Ala Tyr Trp Arg Val		
[0794]	1	5	10
[0795]	<210>	113	
[0796]	<211>	9	
[0797]	<212>	PRT	
[0798]	<213>	智人	
[0799]	<400>	113	
[0800]	Asn Leu Met Ala Ser Gln Pro Gln Leu		
[0801]	1	5	
[0802]	<210>	114	
[0803]	<211>	10	
[0804]	<212>	PRT	
[0805]	<213>	智人	
[0806]	<400>	114	
[0807]	Val Leu Val Pro Tyr Glu Pro Pro Gln Val		
[0808]	1	5	10
[0809]	<210>	115	
[0810]	<211>	11	
[0811]	<212>	PRT	
[0812]	<213>	智人	
[0813]	<400>	115	
[0814]	Val Thr Ala Ala Tyr Met Asp Thr Val Ser Leu		
[0815]	1	5	10
[0816]	<210>	116	
[0817]	<211>	9	
[0818]	<212>	PRT	



[0819]	<213>	智人
[0820]	<400>	116
[0821]	Ser Leu Trp Pro Ser Pro Glu Gln Leu	
[0822]	1	5
[0823]	<210>	117
[0824]	<211>	9
[0825]	<212>	PRT
[0826]	<213>	智人
[0827]	<400>	117
[0828]	Gly Leu Ala Phe Ser Leu Tyr Gln Ala	
[0829]	1	5
[0830]	<210>	118
[0831]	<211>	11
[0832]	<212>	PRT
[0833]	<213>	智人
[0834]	<400>	118
[0835]	Thr Leu Leu Gln Glu Gln Gly Thr Lys Thr Val	
[0836]	1	5 10
[0837]	<210>	119
[0838]	<211>	10
[0839]	<212>	PRT
[0840]	<213>	智人
[0841]	<400>	119
[0842]	Gly Leu Leu Asp Pro Ser Val Phe His Val	
[0843]	1	5 10
[0844]	<210>	120
[0845]	<211>	9
[0846]	<212>	PRT
[0847]	<213>	智人
[0848]	<400>	120
[0849]	Tyr Leu Val Ala Lys Leu Val Glu Val	
[0850]	1	5
[0851]	<210>	121
[0852]	<211>	9
[0853]	<212>	PRT
[0854]	<213>	智人
[0855]	<400>	121
[0856]	Ser Leu Tyr Gly Tyr Leu Arg Gly Ala	
[0857]	1	5

[0858] <210> 122  
[0859] <211> 11  
[0860] <212> PRT  
[0861] <213> 智人  
[0862] <400> 122  
[0863] Ile Leu Asp Glu Ala Gly Val Lys Tyr Phe Leu  
[0864] 1 5 10  
[0865] <210> 123  
[0866] <211> 9  
[0867] <212> PRT  
[0868] <213> 智人  
[0869] <400> 123  
[0870] Leu Leu Ser Gly Asp Leu Ile Phe Leu  
[0871] 1 5  
[0872] <210> 124  
[0873] <211> 9  
[0874] <212> PRT  
[0875] <213> 智人  
[0876] <400> 124  
[0877] Tyr Met Leu Asp Ile Phe His Glu Val  
[0878] 1 5  
[0879] <210> 125  
[0880] <211> 9  
[0881] <212> PRT  
[0882] <213> 智人  
[0883] <400> 125  
[0884] Ala Leu Asn Pro Glu Ile Val Ser Val  
[0885] 1 5  
[0886] <210> 126  
[0887] <211> 9  
[0888] <212> PRT  
[0889] <213> 智人  
[0890] <400> 126  
[0891] Ile Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Val  
[0892] 1 5  
[0893] <210> 127  
[0894] <211> 9  
[0895] <212> PRT  
[0896] <213> 智人

[0897] <400> 127  
[0898] Ser Leu Phe Gly Lys Lys Tyr Ile Leu  
[0899] 1 5  
[0900] <210> 128  
[0901] <211> 9  
[0902] <212> PRT  
[0903] <213> 智人  
[0904] <400> 128  
[0905] Thr Leu His Arg Glu Thr Phe Tyr Leu  
[0906] 1 5  
[0907] <210> 129  
[0908] <211> 11  
[0909] <212> PRT  
[0910] <213> 智人  
[0911] <400> 129  
[0912] Ser Leu Ser Gly Glu Ile Ile Leu His Ser Val  
[0913] 1 5 10  
[0914] <210> 130  
[0915] <211> 10  
[0916] <212> PRT  
[0917] <213> 智人  
[0918] <400> 130  
[0919] Thr Leu Asp Gly Ala Ala Val Asn Gln Val  
[0920] 1 5 10  
[0921] <210> 131  
[0922] <211> 9  
[0923] <212> PRT  
[0924] <213> 智人  
[0925] <400> 131  
[0926] Leu Gln Leu Asp Lys Glu Phe Gln Leu  
[0927] 1 5  
[0928] <210> 132  
[0929] <211> 10  
[0930] <212> PRT  
[0931] <213> 智人  
[0932] <400> 132  
[0933] Thr Leu Tyr Pro Gly Arg Phe Asp Tyr Val  
[0934] 1 5 10  
[0935] <210> 133

[0936]	<211> 9		
[0937]	<212> PRT		
[0938]	<213> 智人		
[0939]	<400> 133		
[0940]	Leu Leu Leu Pro Leu Gln Ile Leu Leu		
[0941]	1	5	
[0942]	<210> 134		
[0943]	<211> 9		
[0944]	<212> PRT		
[0945]	<213> 智人		
[0946]	<400> 134		
[0947]	Ile Leu Ile Gly Glu Thr Ile Lys Ile		
[0948]	1	5	
[0949]	<210> 135		
[0950]	<211> 9		
[0951]	<212> PRT		
[0952]	<213> 智人		
[0953]	<400> 135		
[0954]	Gly Leu Phe Ser Gln His Phe Asn Leu		
[0955]	1	5	
[0956]	<210> 136		
[0957]	<211> 11		
[0958]	<212> PRT		
[0959]	<213> 智人		
[0960]	<400> 136		
[0961]	Ser Leu Met Glu Pro Pro Ala Val Leu Leu Leu		
[0962]	1	5	10
[0963]	<210> 137		
[0964]	<211> 10		
[0965]	<212> PRT		
[0966]	<213> 智人		
[0967]	<400> 137		
[0968]	Gly Leu Ala Pro Phe Leu Leu Asn Ala Val		
[0969]	1	5	10
[0970]	<210> 138		
[0971]	<211> 10		
[0972]	<212> PRT		
[0973]	<213> 智人		
[0974]	<400> 138		

[0975]	Ala Leu Leu Thr Gly Ile Ile Ser Lys Ala
[0976]	1 5 10
[0977]	<210> 139
[0978]	<211> 9
[0979]	<212> PRT
[0980]	<213> 智人
[0981]	<400> 139
[0982]	Gln Leu Gly Pro Val Pro Val Thr Ile
[0983]	1 5
[0984]	<210> 140
[0985]	<211> 9
[0986]	<212> PRT
[0987]	<213> 智人
[0988]	<400> 140
[0989]	Tyr Leu Phe Glu Asn Ile Ser Gln Leu
[0990]	1 5
[0991]	<210> 141
[0992]	<211> 10
[0993]	<212> PRT
[0994]	<213> 智人
[0995]	<400> 141
[0996]	Phe Leu Asn Pro Asp Glu Val His Ala Ile
[0997]	1 5 10
[0998]	<210> 142
[0999]	<211> 10
[1000]	<212> PRT
[1001]	<213> 智人
[1002]	<400> 142
[1003]	Ser Leu Val Ser Glu Gln Leu Glu Pro Ala
[1004]	1 5 10
[1005]	<210> 143
[1006]	<211> 9
[1007]	<212> PRT
[1008]	<213> 智人
[1009]	<400> 143
[1010]	Tyr Val Tyr Gln Asn Asn Ile Tyr Leu
[1011]	1 5
[1012]	<210> 144
[1013]	<211> 9

[1014]	<212>	PRT
[1015]	<213>	智人
[1016]	<400>	144
[1017]	Lys Ile Ser Thr Ile Thr Pro Gln Ile	
[1018]	1	5
[1019]	<210>	145
[1020]	<211>	9
[1021]	<212>	PRT
[1022]	<213>	智人
[1023]	<400>	145
[1024]	Leu Leu Tyr Gly Lys Tyr Val Ser Val	
[1025]	1	5
[1026]	<210>	146
[1027]	<211>	9
[1028]	<212>	PRT
[1029]	<213>	智人
[1030]	<400>	146
[1031]	Gly Leu Leu Glu Glu Leu Val Thr Val	
[1032]	1	5
[1033]	<210>	147
[1034]	<211>	10
[1035]	<212>	PRT
[1036]	<213>	智人
[1037]	<400>	147
[1038]	Ile Leu Met Asp Pro Ser Pro Glu Tyr Ala	
[1039]	1	5 10
[1040]	<210>	148
[1041]	<211>	10
[1042]	<212>	PRT
[1043]	<213>	智人
[1044]	<400>	148
[1045]	Leu Leu Phe Asp Ala Pro Asp Leu Arg Leu	
[1046]	1	5 10
[1047]	<210>	149
[1048]	<211>	10
[1049]	<212>	PRT
[1050]	<213>	智人
[1051]	<400>	149
[1052]	Val Leu Leu Asn Ile Asn Gly Ile Asp Leu	

---

[1053]	1	5	10
[1054]	<210> 150		
[1055]	<211> 11		
[1056]	<212> PRT		
[1057]	<213> 智人		
[1058]	<400> 150		
[1059]	Ile Leu Ala Glu Glu Pro Ile Tyr Ile Arg Val		
[1060]	1	5	10
[1061]	<210> 151		
[1062]	<211> 9		
[1063]	<212> PRT		
[1064]	<213> 智人		
[1065]	<400> 151		
[1066]	Gln Leu Cys Asp Leu Asn Ala Glu Leu		
[1067]	1	5	
[1068]	<210> 152		
[1069]	<211> 9		
[1070]	<212> PRT		
[1071]	<213> 智人		
[1072]	<400> 152		
[1073]	Ser Leu Trp Gln Asp Ile Pro Asp Val		
[1074]	1	5	
[1075]	<210> 153		
[1076]	<211> 9		
[1077]	<212> PRT		
[1078]	<213> 智人		
[1079]	<400> 153		
[1080]	Val Leu Phe Leu Gly Lys Leu Leu Val		
[1081]	1	5	
[1082]	<210> 154		
[1083]	<211> 10		
[1084]	<212> PRT		
[1085]	<213> 智人		
[1086]	<400> 154		
[1087]	Lys Met Trp Glu Glu Leu Pro Glu Val Val		
[1088]	1	5	10
[1089]	<210> 155		
[1090]	<211> 10		
[1091]	<212> PRT		

---

[1092]	<213>	智人	
[1093]	<400>	155	
[1094]	Gly Leu Leu Asp Asn Pro Glu Leu Arg Val		
[1095]	1	5	10
[1096]	<210>	156	
[1097]	<211>	13	
[1098]	<212>	PRT	
[1099]	<213>	智人	
[1100]	<400>	156	
[1101]	Ala Leu Ile Asn Asp Ile Leu Gly Glu Leu Val Lys Leu		
[1102]	1	5	10
[1103]	<210>	157	
[1104]	<211>	10	
[1105]	<212>	PRT	
[1106]	<213>	智人	
[1107]	<400>	157	
[1108]	Glu Leu Ala Gly Ile Gly Ile Leu Thr Val		
[1109]	1	5	10
[1110]	<210>	158	
[1111]	<211>	9	
[1112]	<212>	PRT	
[1113]	<213>	智人	
[1114]	<400>	158	
[1115]	Tyr Leu Leu Pro Ala Ile Val His Ile		
[1116]	1	5	



肽: GLAGGFGGPGFPV (A\*02)  
SEQ ID NO: 1

相对提呈任意单位

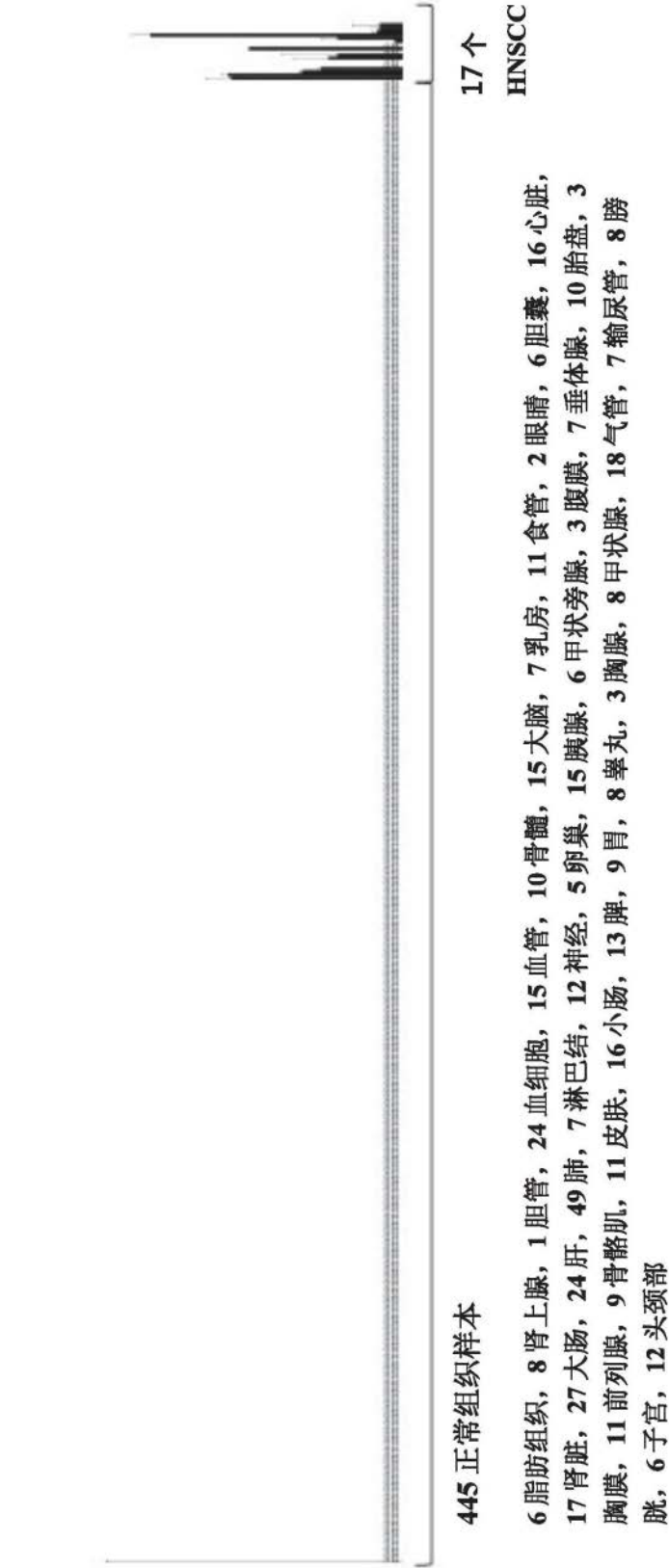


图1A

肽: SLYGLGGSKRISI (A\*02)  
SEQ ID NO: 3

相对提呈[任意单位]



445 正常组织样本	17个 HNSCC
6 脂肪组织, 8 肾上腺, 1 胆管, 24 血细胞, 15 血管, 10 骨髓, 15 大脑, 7 乳房, 11 食管, 2 眼睛, 6 胆囊, 16 心脏, 17 肾脏, 27 大肠, 49 肝, 7 淋巴结, 12 神经, 5 卵巢, 15 胰腺, 6 甲状旁腺, 3 腹膜, 7 垂体腺, 10 胎盘, 3 胸膜, 11 前列腺, 9 骨骼肌, 11 皮肤, 16 小肠, 13 脾, 9 胃, 8 睾丸, 3 胸腺, 8 甲状腺, 18 气管, 7 输尿管, 8 膀胱, 6 子宫, 12 头颈部	

图1B

肽: STASAITPSV (A\*02)  
SEQ ID NO: 9

相对提呈任意单位

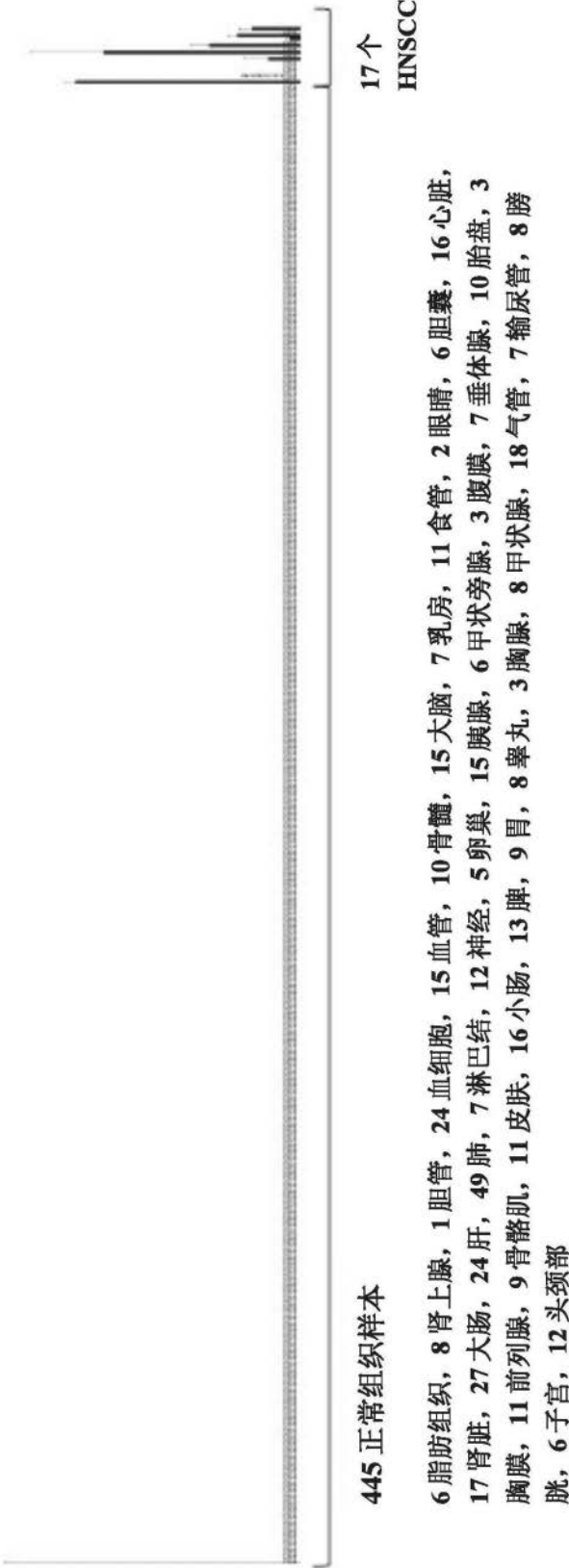
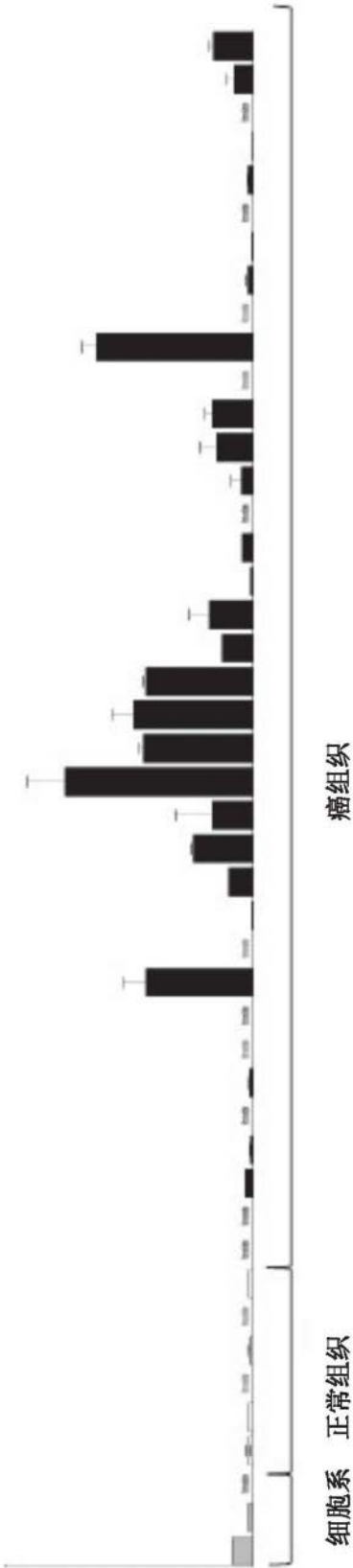


图1C

肽: FVAGYIAGV (A\*02)  
SEQ ID NO: 61

相对提呈[任意单位]



肽检测于

3 细胞系 (2 肾脏, 1 胰腺), 7 正常组织 (1 肾上腺, 1 结肠, 2 淋巴结, 1 脾脏, 2 脾), 36 癌组织 (5 白血病, 3 胃癌, 1 食管癌, 1 胆囊癌, 5 头颈癌, 1 肾癌, 1 肝癌, 8 肺癌, 4 淋巴瘤, 3 卵巢癌, 2 胃癌) (从左到右)

肽:

图1D

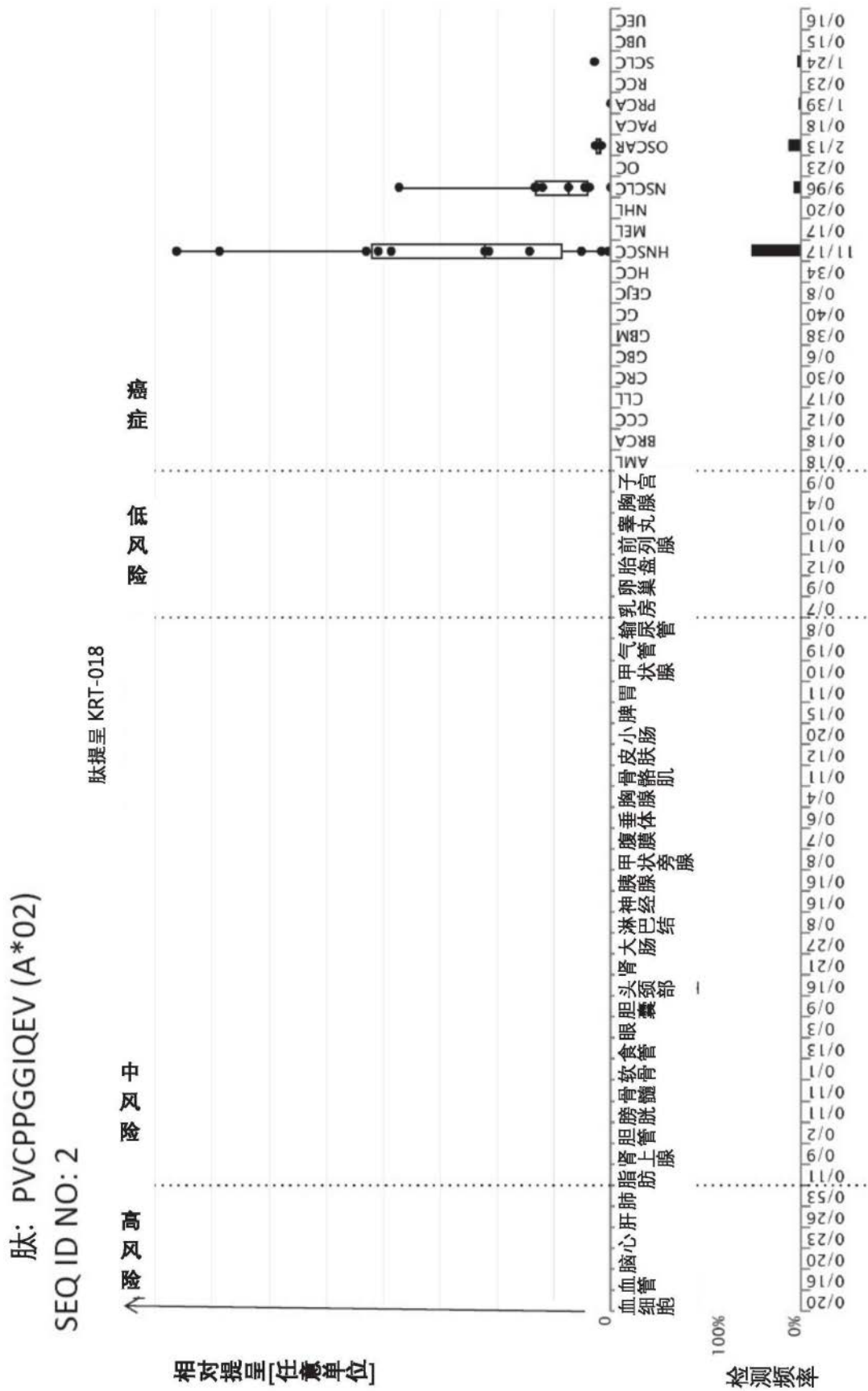


图1E

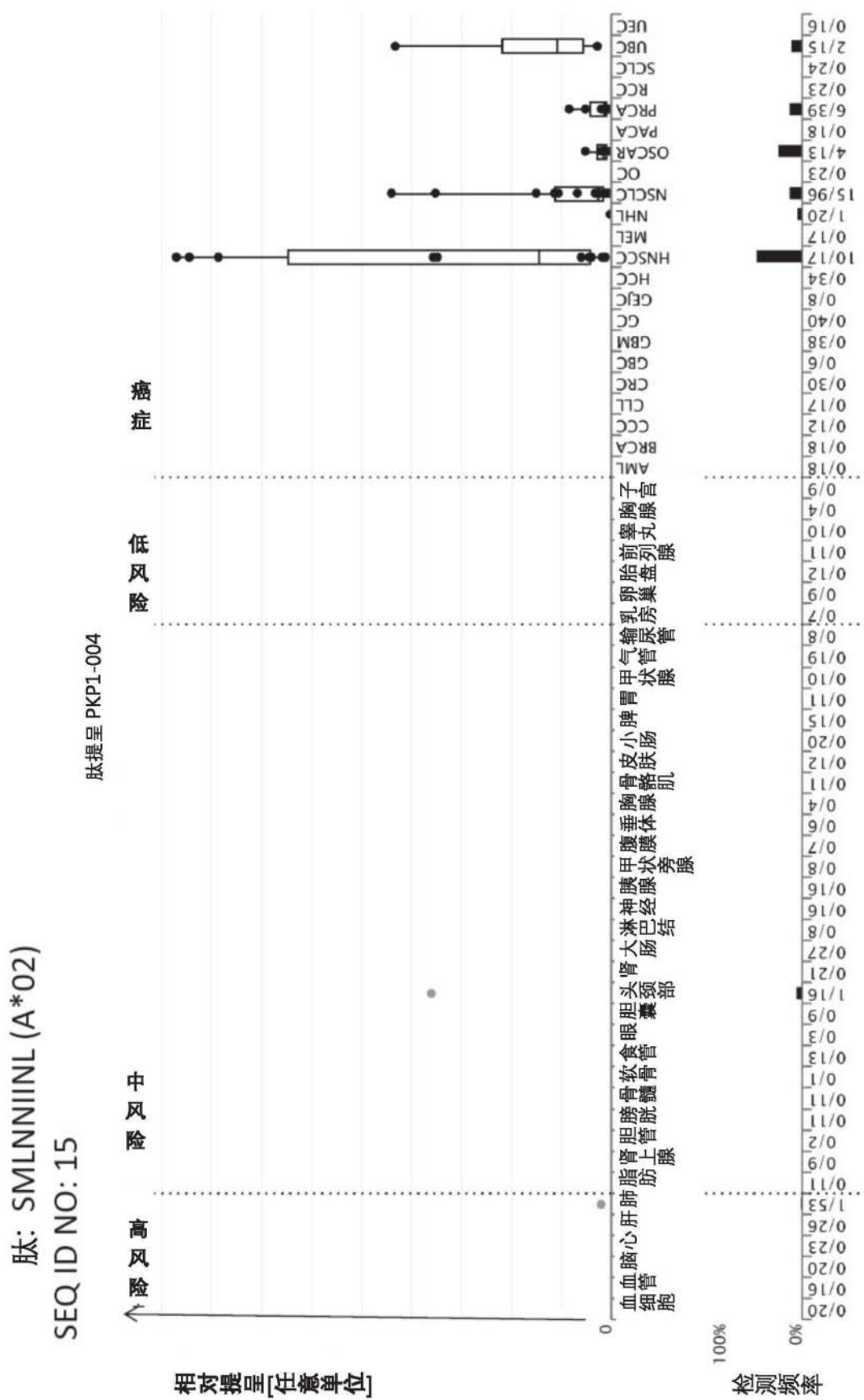


图1F

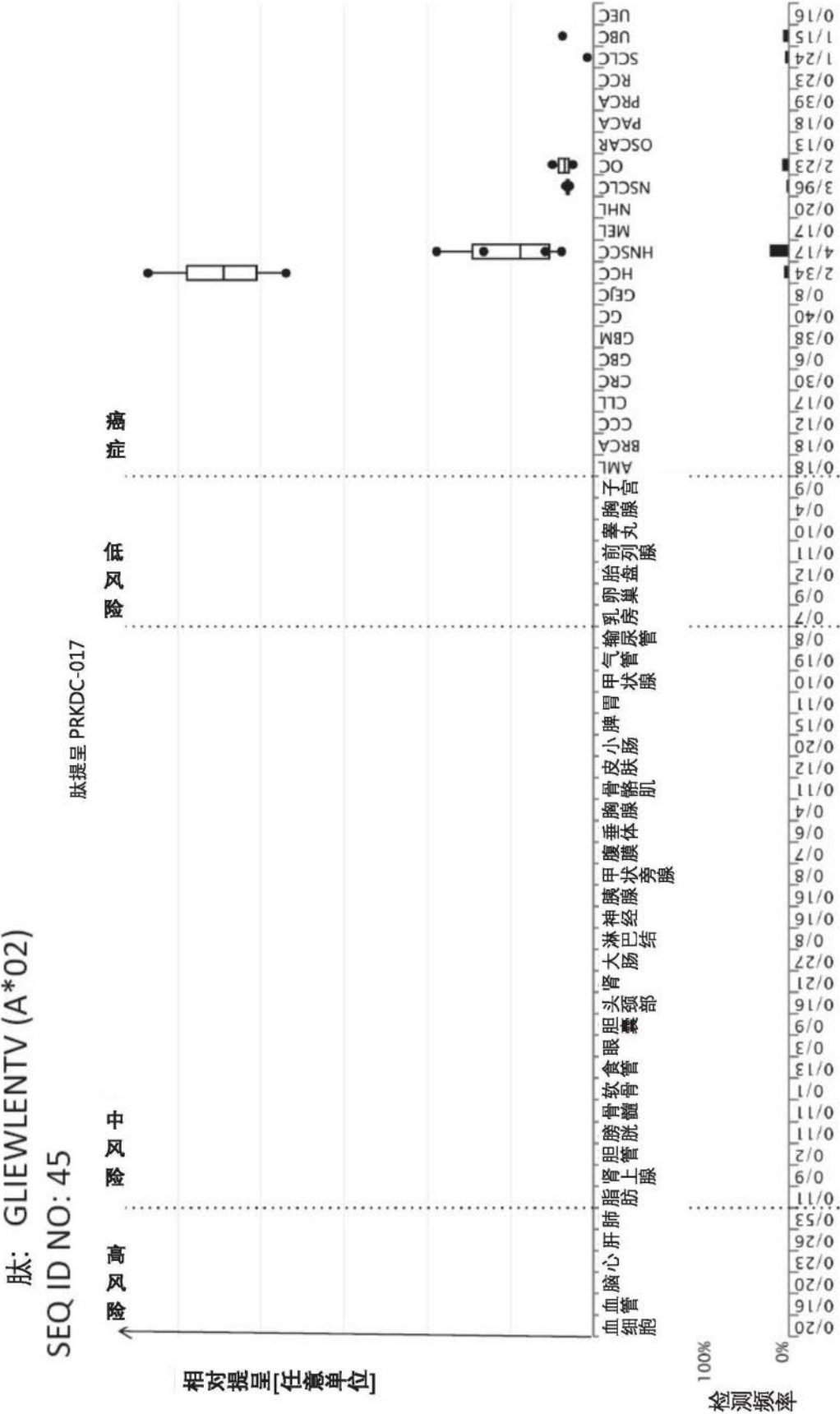


图1G

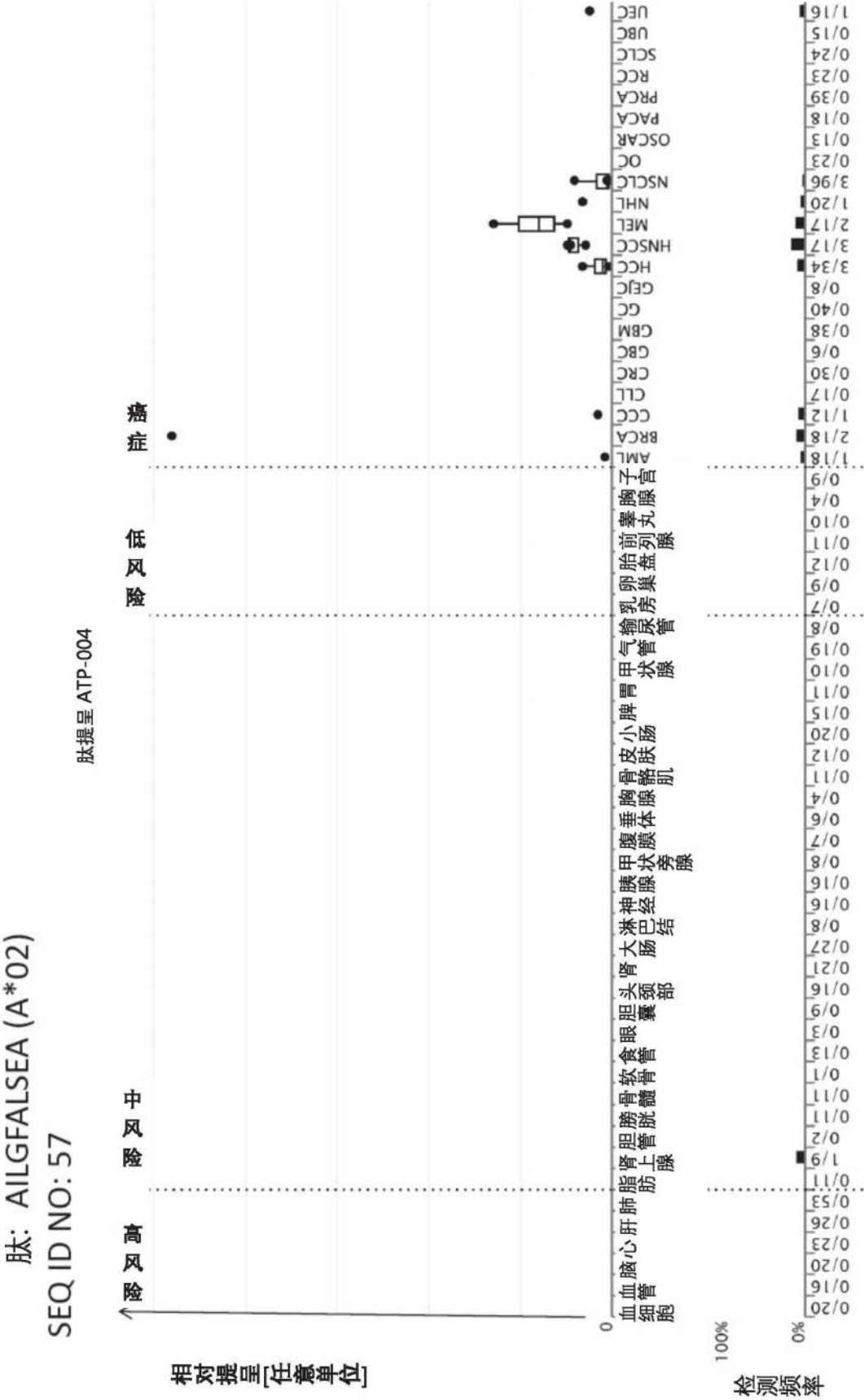


图1H



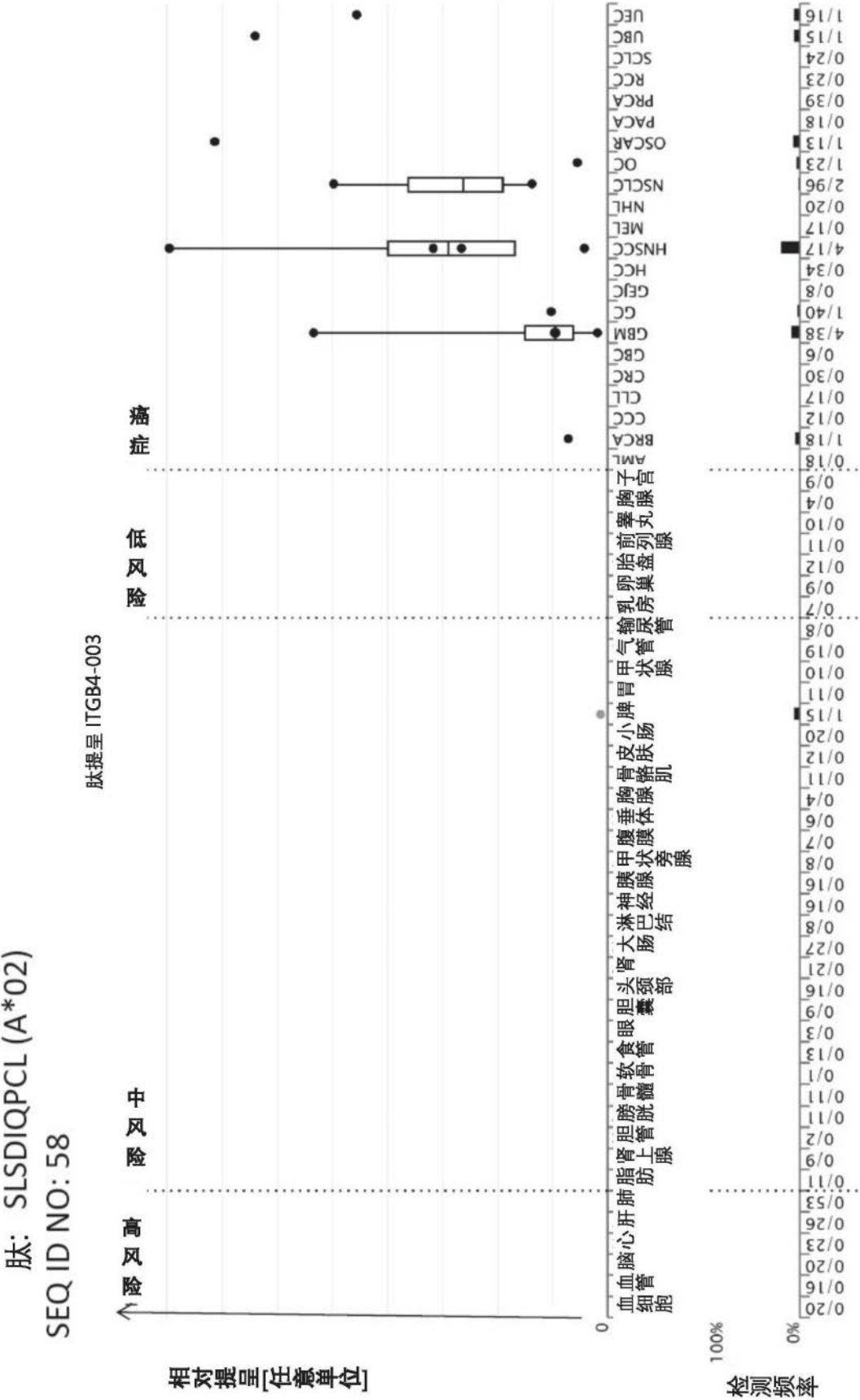


图11

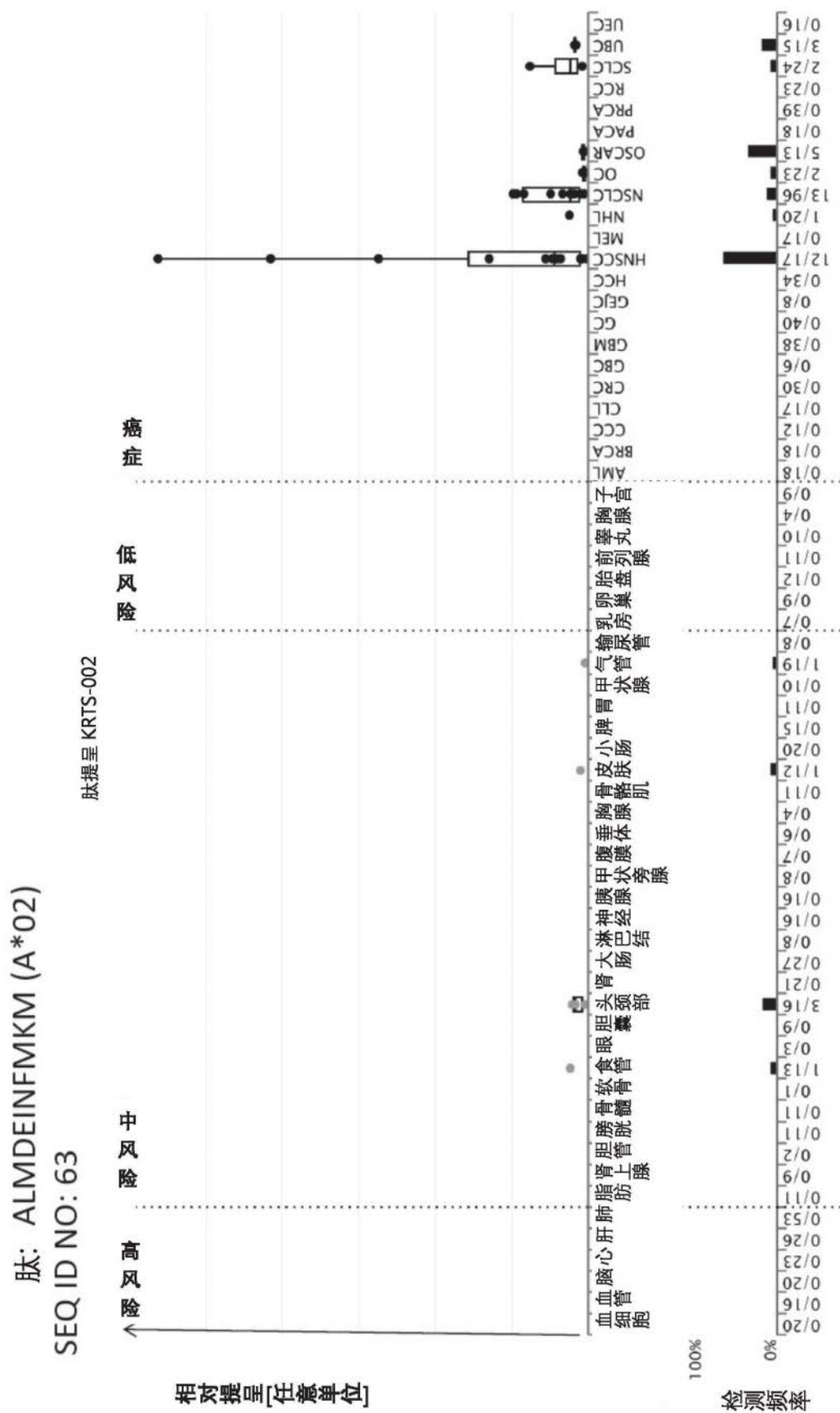


图1J

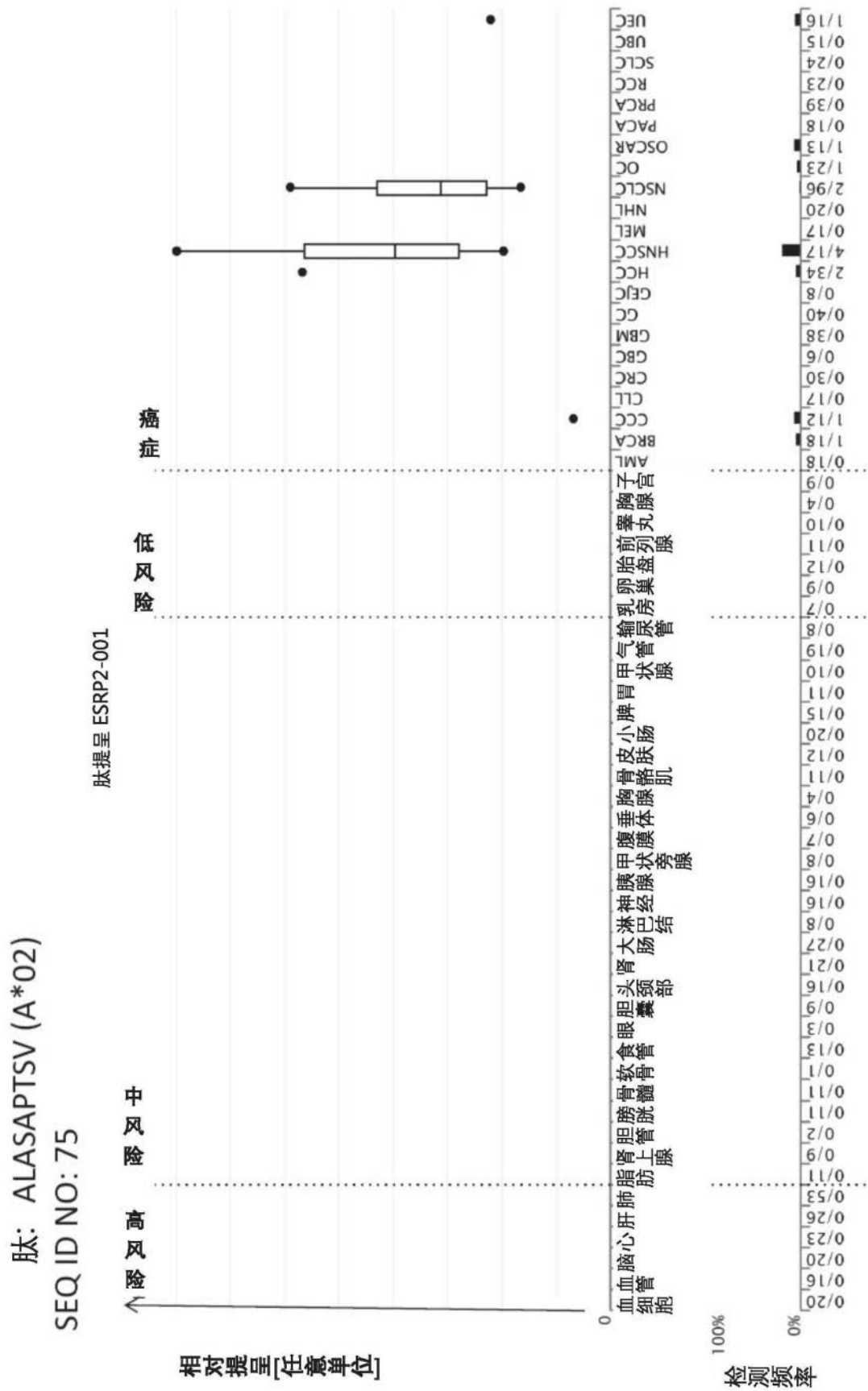


图1K

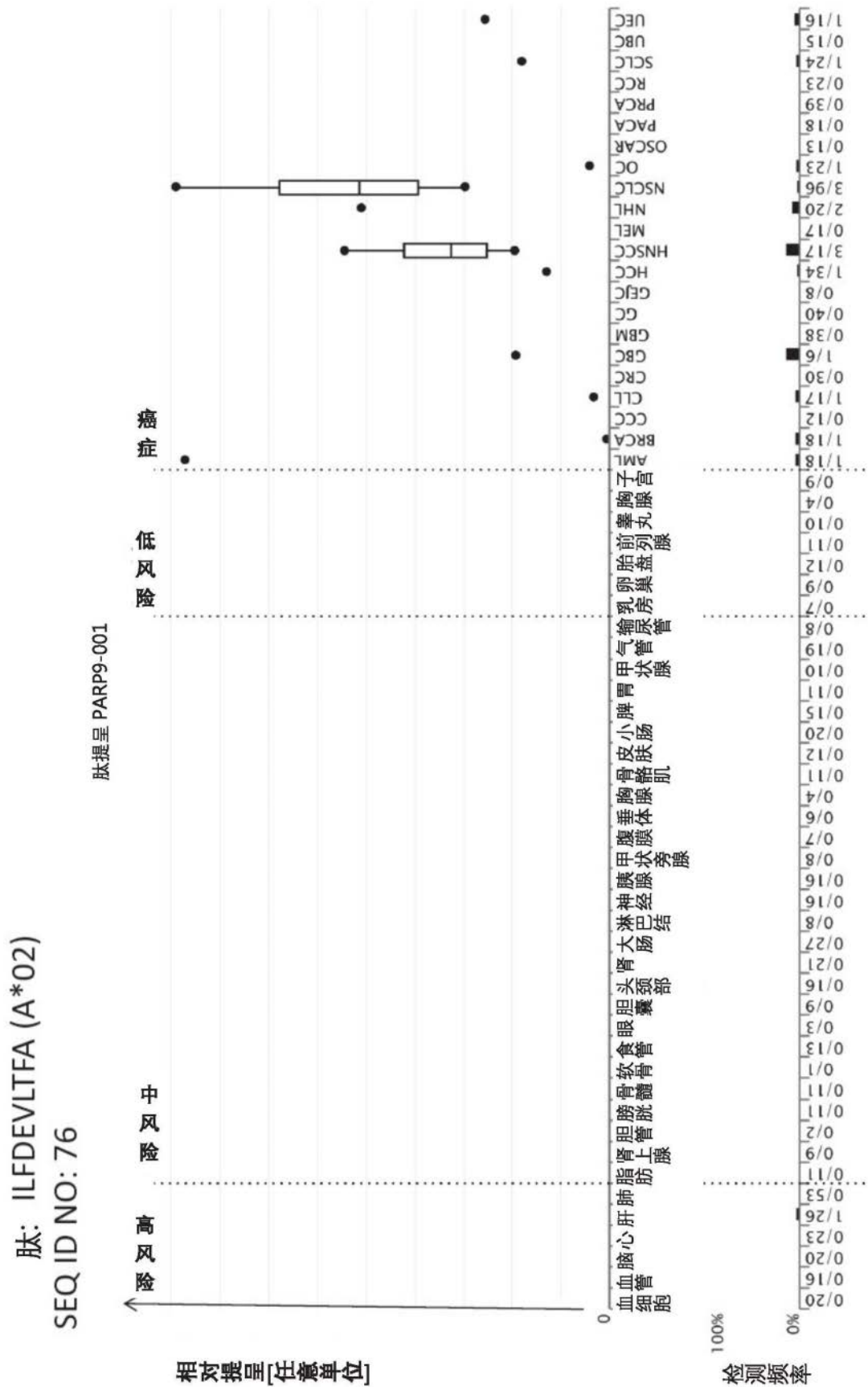


图1L

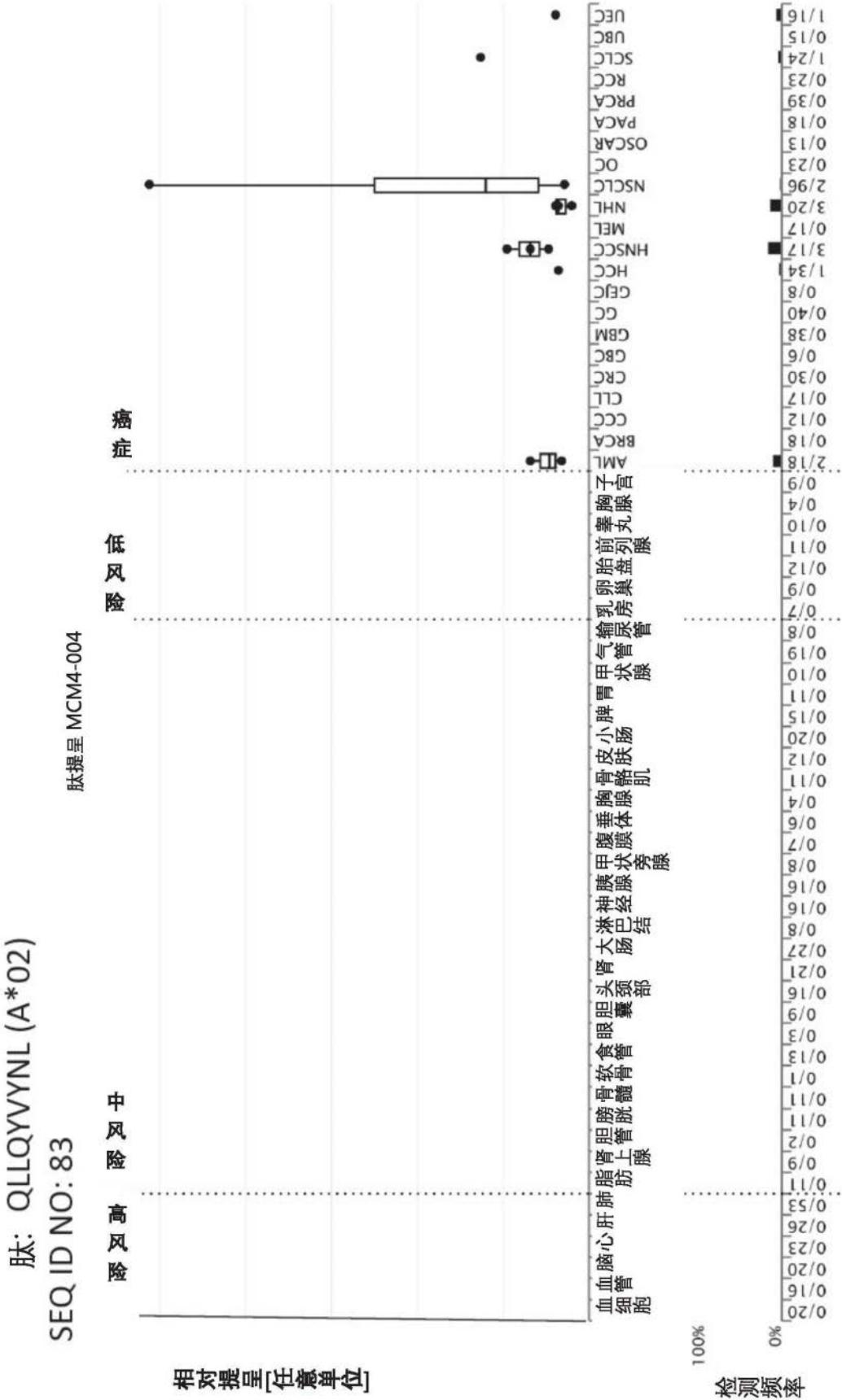


图1M

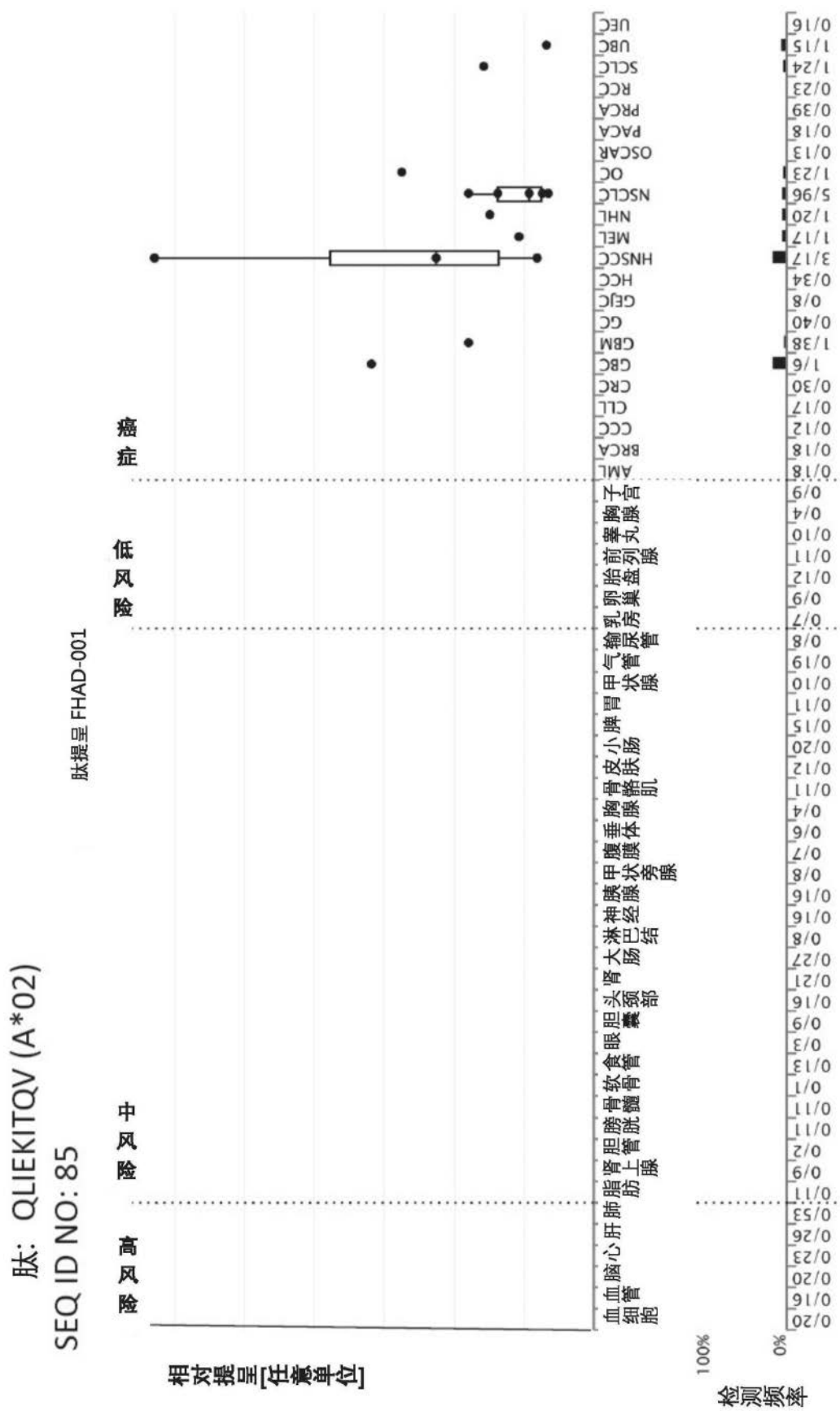


图1N

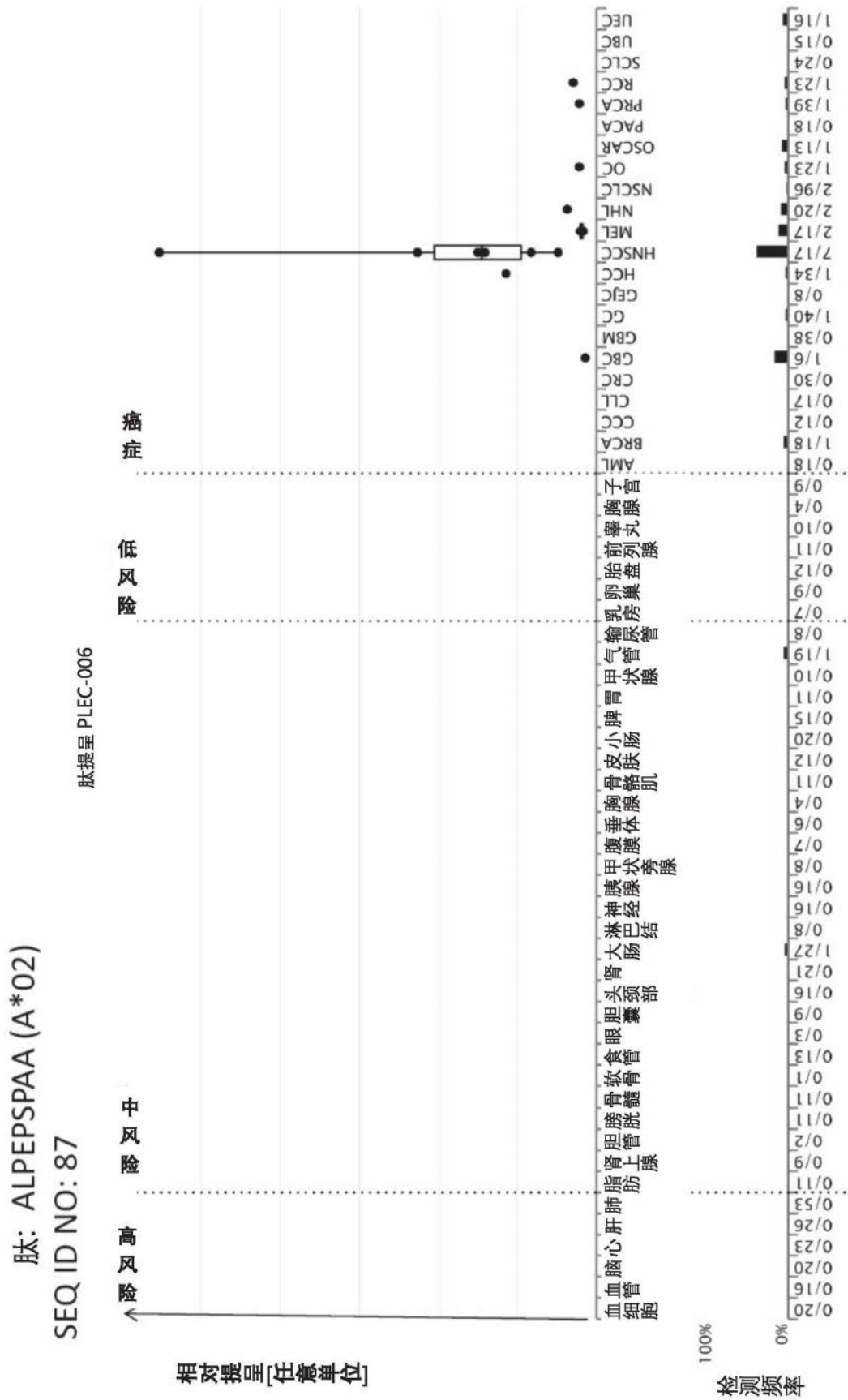


图10

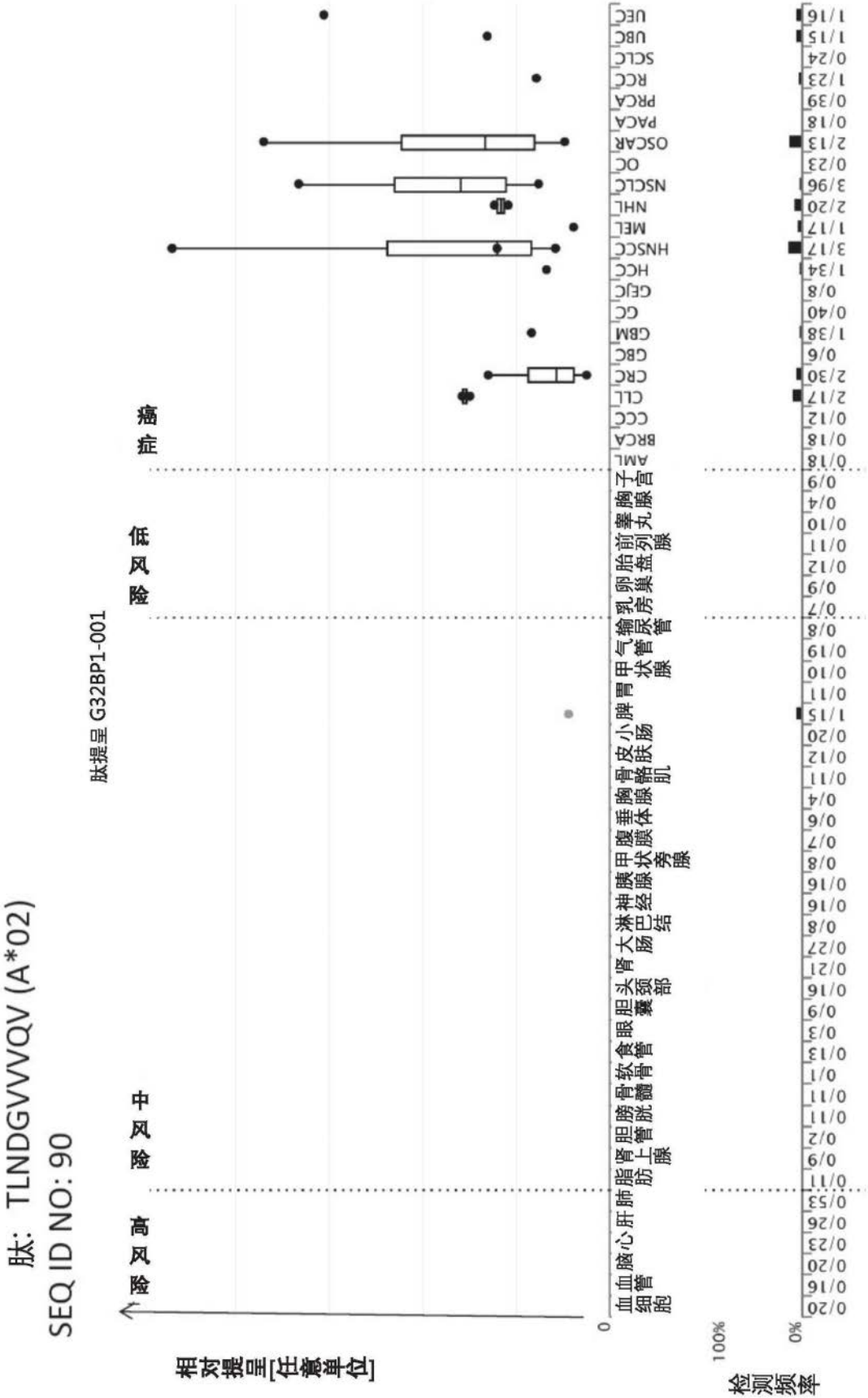


图1P



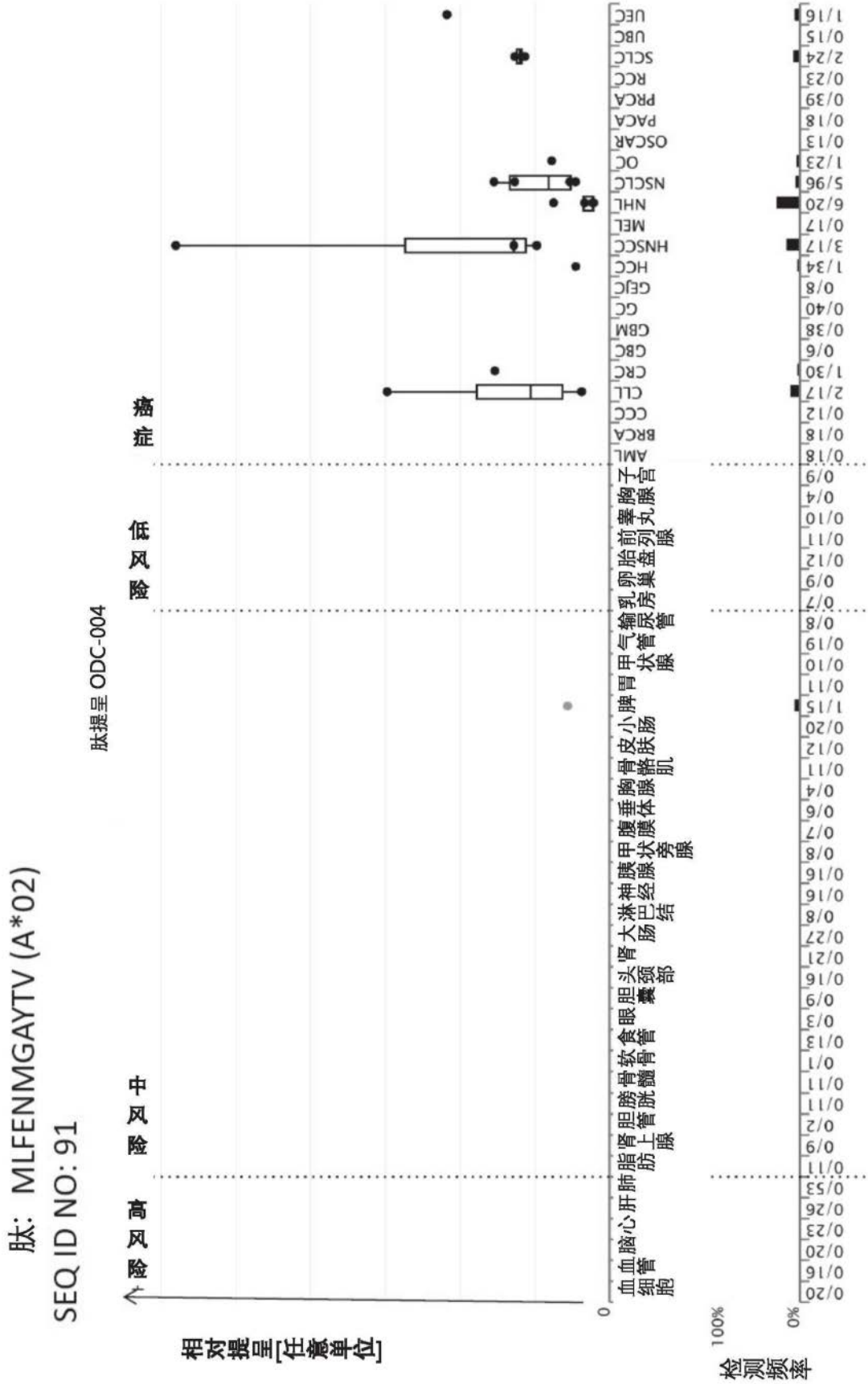


图1Q

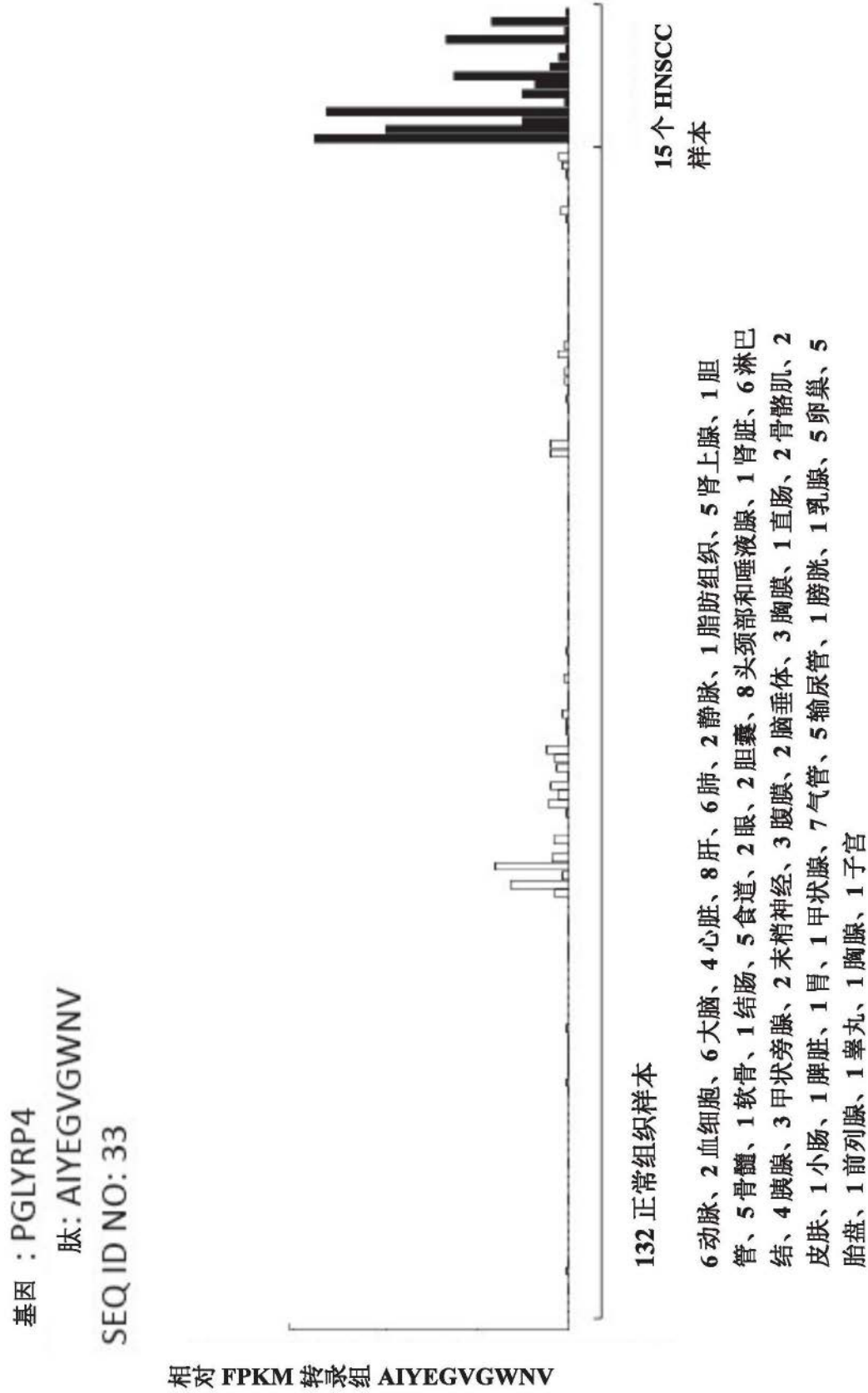


图2A

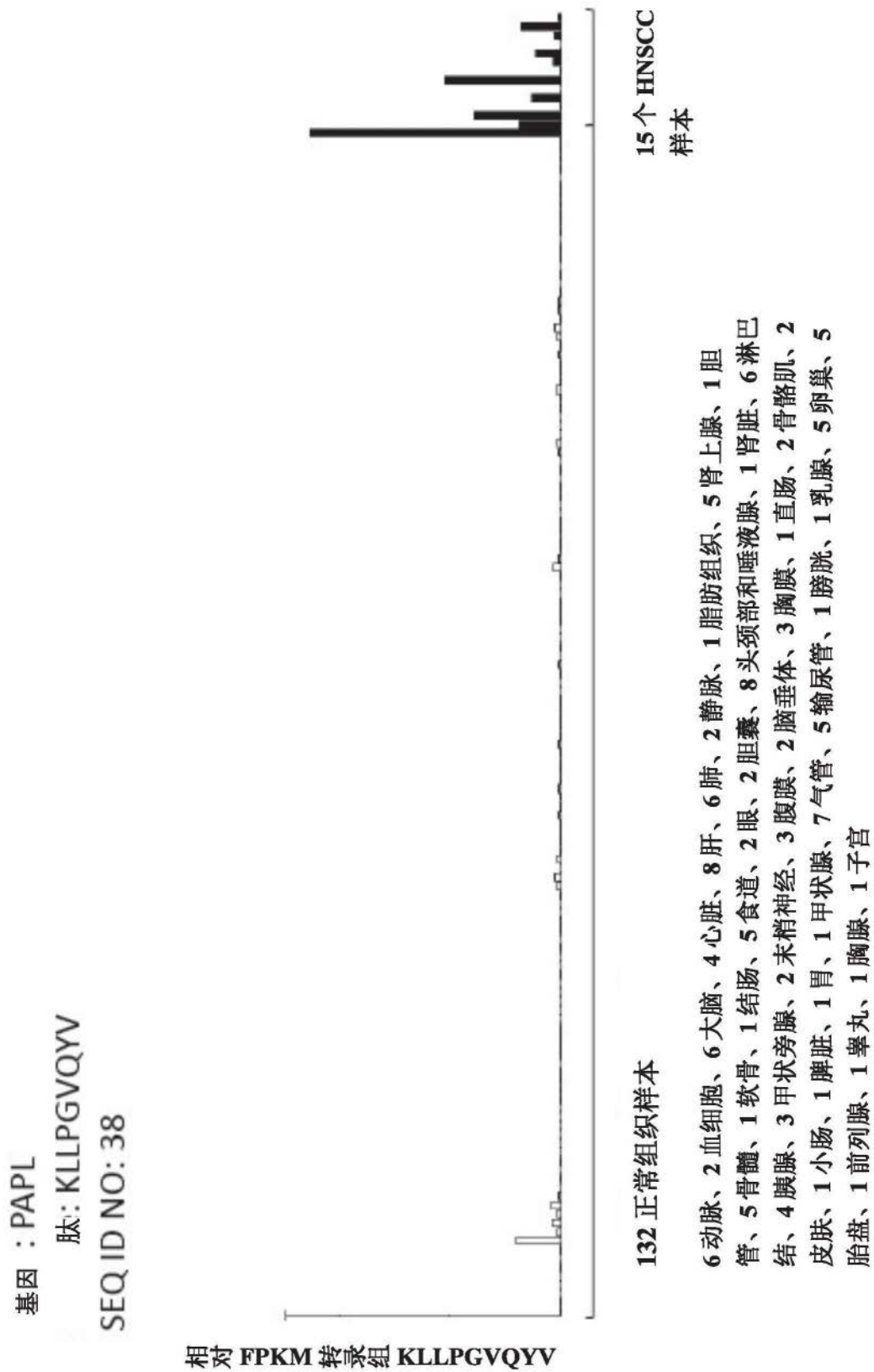
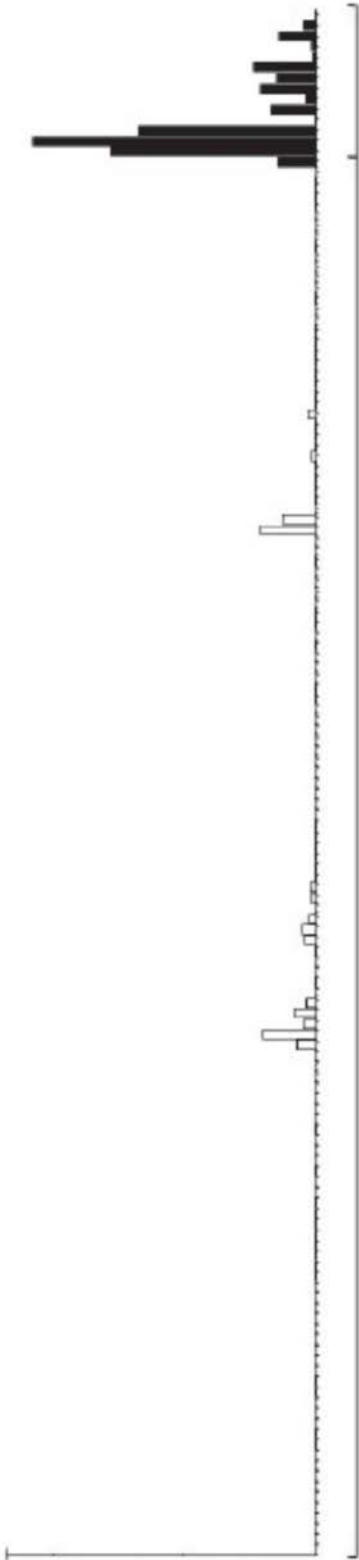


图2B

基因 : LGALS7, LGALS7B  
肽: RLVEVGGDVQL  
SEQ ID NO:

相对 FPKM 转录组 RLVEVGGDVQL



132 正常组织样本

15 个 HNSCC  
样本

6 动脉、2 血细胞、6 大脑、4 心脏、8 肝、6 肺、2 静脉、1 脂肪组织、5 肾上腺、1 胆管、5 骨髓、1 软骨、1 结肠、5 食道、2 眼、2 胆囊、8 头颈部和唾液腺、1 肾脏、6 淋巴结、4 胰腺、3 甲状旁腺、2 末梢神经、3 腹膜、2 脑垂体、3 胸膜、1 直肠、2 骨骼肌、2 皮肤、1 小肠、1 脾脏、1 胃、1 甲状腺、7 气管、5 输尿管、1 膀胱、1 乳腺、5 卵巢、5 胎盘、1 前列腺、1 睾丸、1 胸腺、1 子宫

图2C

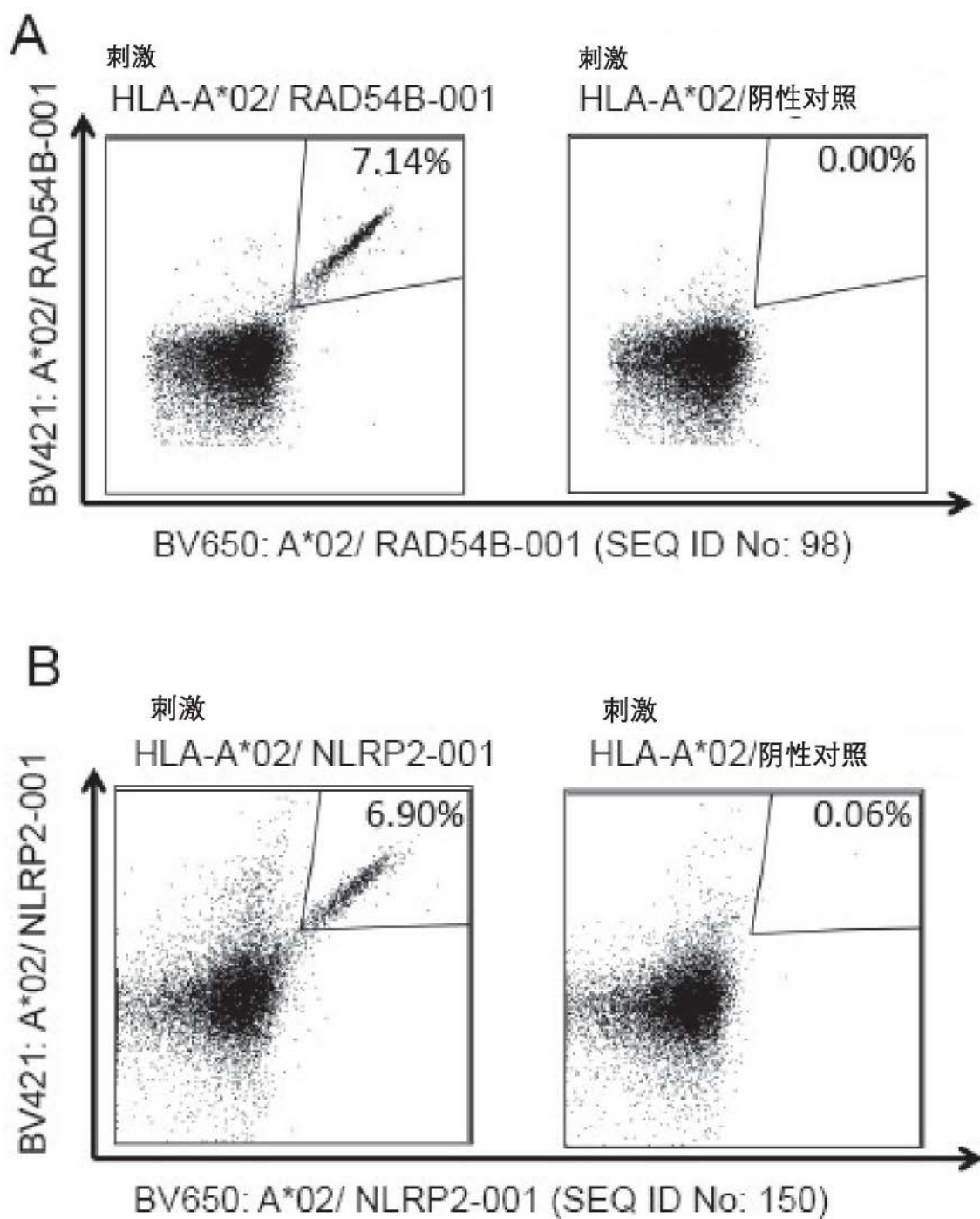


图3

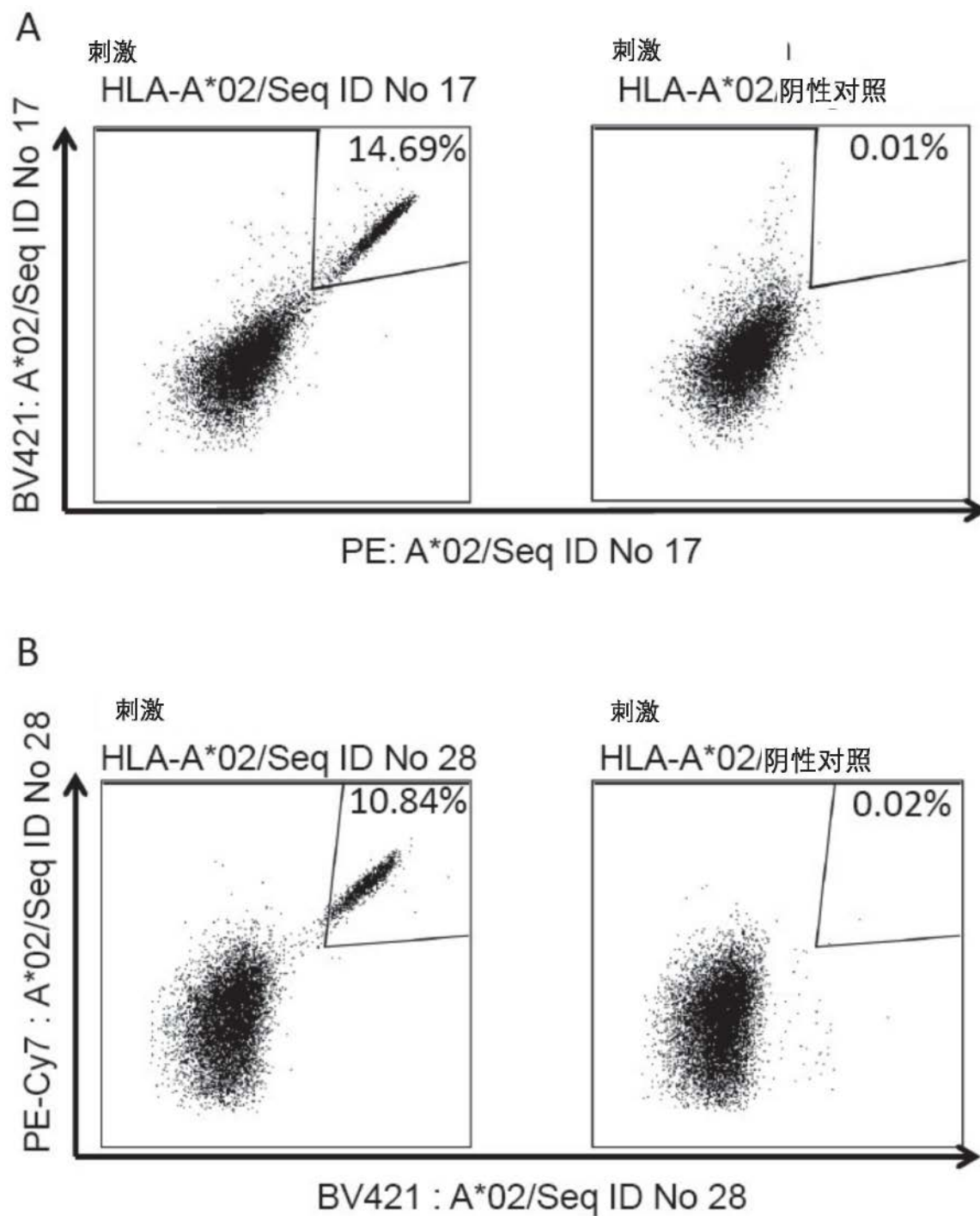


图4

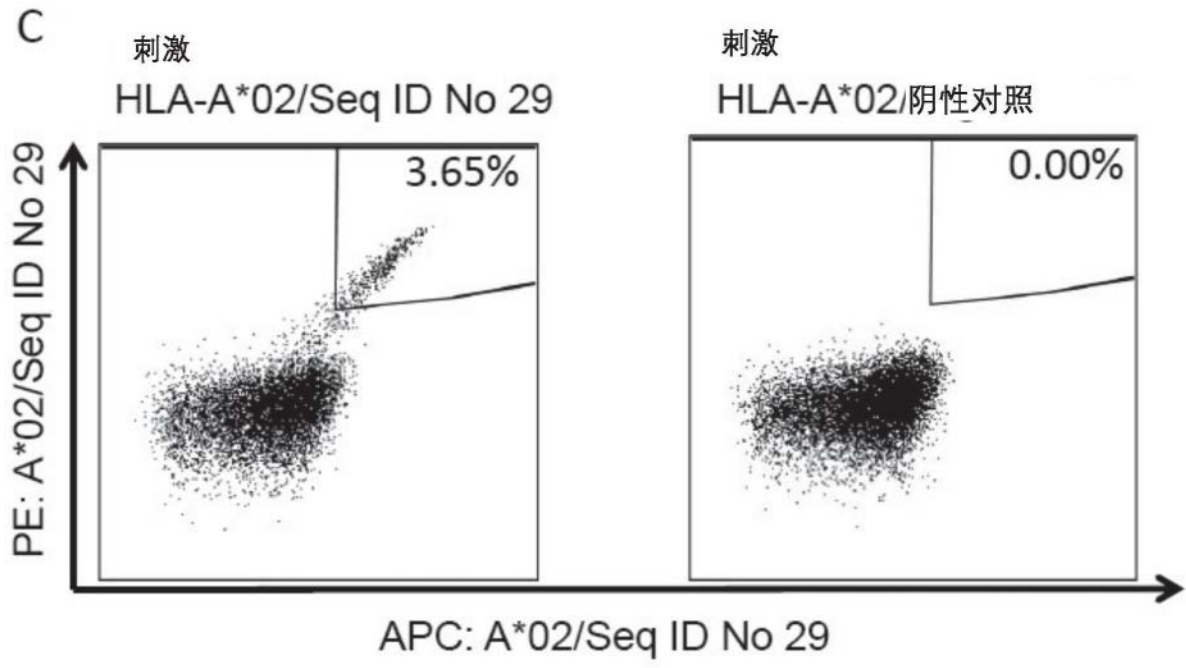


图4(续)