



(19) 대한민국특허청(KR)  
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2014-0105758  
(43) 공개일자 2014년09월02일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)  
C07K 16/28 (2006.01) C12N 15/09 (2006.01)  
A61K 39/395 (2006.01) A61P 35/02 (2006.01)  
A61P 37/00 (2006.01)  
(21) 출원번호 10-2014-7016300  
(22) 출원일자(국제) 2012년11월15일  
심사청구일자 없음  
(85) 번역문제출일자 2014년06월16일  
(86) 국제출원번호 PCT/EP2012/072730  
(87) 국제공개번호 WO 2013/072415  
국제공개일자 2013년05월23일  
(30) 우선권주장  
61/560,144 2011년11월15일 미국(US)  
(뒷면에 계속)

(71) 출원인  
암젠 리서치 (원헨) 게엠베하  
독일 뮌헨, 스타펠지스트리트 2, 81477  
베링거 인겔하임 인터내셔널 게엠베하  
독일 55216 인겔하임 암 라인 빙거 슈트라쎄 173  
(72) 발명자  
쿠퍼, 피터  
독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서치 (원헨) 게엠베하 내  
라움, 토비아스  
독일 뮌헨 81477, 스타펠지스트리트 2, 암젠 리서치 (원헨) 게엠베하 내  
(뒷면에 계속)  
(74) 대리인  
특허법인다나

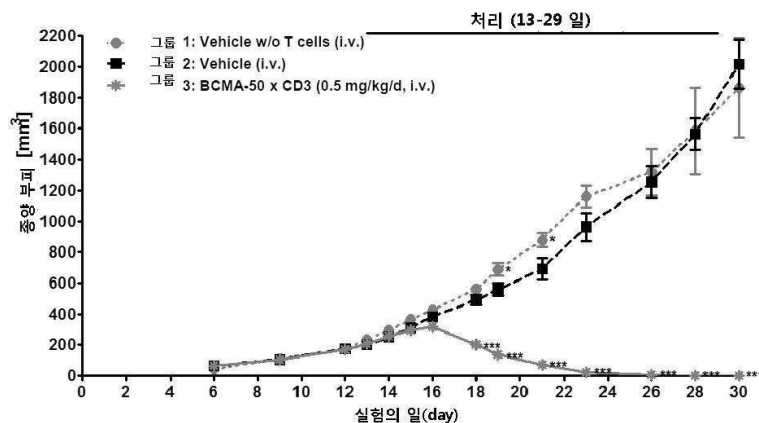
전체 청구항 수 : 총 25 항

(54) 발명의 명칭 BCMA 및 CD에 대한 결합 분자

(57) 요약

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

대표도 - 도16a



(72) 발명자

**호프만, 페트릭**

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

**키셀, 로만**

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

**루터비세, 랄프**

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

**라우, 도리스**

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

**아담, 폴**

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

**보게스, 에릭**

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

**헤베이스, 바바라**

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

**힉, 수잔느**

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

(30) 우선권주장

61/560,149 2011년11월15일 미국(US)

61/560,162 2011년11월15일 미국(US)

61/560,178 2011년11월15일 미국(US)

61/560,183 2011년11월15일 미국(US)

61/651,474 2012년05월24일 미국(US)

61/651,486 2012년05월24일 미국(US)

## 특허청구의 범위

### 청구항 1

- (a) BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 에피토프 클러스터 4에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인; 및
- (b) T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합분자로서,
- 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41에 상응하고, 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응하는 것인 결합 분자.

### 청구항 2

제1항에 있어서,

상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 1015에 나타난 BCMA의 키메릭 세포의 도메인에 결합할 수 없는 것인 결합 분자.

### 청구항 3

제1항 또는 제2항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 추가로 마카크 BCMA에 결합할 수 있는 것인 결합 분자.

### 청구항 4

제1항 내지 제3항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 결합 도메인은 CD3 앵글로뉴틴에 결합할 수 있는 것인 결합 분자.

### 청구항 5

제1항 내지 제4항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제2 결합 도메인은 인간 CD3 및 마카크 CD3에 결합할 수 있는 것인 결합 분자.

### 청구항 6

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 및/또는 제2 결합 도메인은 항체로부터 유래한 것인 결합 분자.

### 청구항 7

제6항에 있어서, (scFv)<sub>2</sub>, (단일 도메인 mAb)<sub>2</sub>, scFv-단일 도메인 mAb, 디아바디 및 그의 올리고머로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 결합 분자.

### 청구항 8

제1항 내지 제7항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2

및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 것인 결합 분자:

- [illegible]



## 청구항 9

제1항 내지 제8항 중 어느 한 항에 있어서,

상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 237, 서열번호: 247, 서열번호: 257, 서열번호: 267, 서열번호: 277, 서열번호: 287, 서열번호: 297, 서열번호: 307, 서열번호: 397, 서열번호: 407, 서열번호: 417, 서열번호: 427, 서열번호: 437, 서열번호: 447, 서열번호: 457, 서열번호: 467, 서열번호: 477, 서열번호: 487, 서열번호: 497, 및 서열번호: 507에 나타난 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것인 결합 분자.

## 청구항 10

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서,

상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 238, 서열번호: 248, 서열번호: 258, 서열번호: 268, 서열번호: 278, 서열번호: 288, 서열번호: 298, 서열번호: 308, 서열번호: 398, 서열번호: 408, 서열번호: 418, 서열번호: 428, 서열번호: 438, 서열번호: 448, 서열번호: 458, 서열번호: 468, 서열번호: 478, 서열번호: 488, 서열번호: 498, 및 서열번호: 508에 나타난 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것인 결합 분자.

## 청구항 11

제1항 내지 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함하는 것인 결합 분자:

- (a) 서열번호: 237에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 238에 나타난 VL 영역;
- (b) 서열번호: 247에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 248에 나타난 VL 영역;
- (c) 서열번호: 257에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 258에 나타난 VL 영역;
- (d) 서열번호: 267에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 268에 나타난 VL 영역;
- (e) 서열번호: 277에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 278에 나타난 VL 영역;
- (f) 서열번호: 287에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 288에 나타난 VL 영역;
- (g) 서열번호: 297에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 298에 나타난 VL 영역;
- (h) 서열번호: 307에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 308에 나타난 VL 영역;
- (i) 서열번호: 397에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 398에 나타난 VL 영역;;
- (k) 서열번호: 407에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 408에 나타난 VL 영역;
- (l) 서열번호: 417에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 418에 나타난 VL 영역;
- (m) 서열번호: 427에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 428에 나타난 VL 영역;
- (n) 서열번호: 437에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 438에 나타난 VL 영역;
- (o) 서열번호: 447에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 448에 나타난 VL 영역;
- (p) 서열번호: 457에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 458에 나타난 VL 영역;
- (q) 서열번호: 467에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 468에 나타난 VL 영역;
- (r) 서열번호: 477에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 478에 나타난 VL 영역;
- (s) 서열번호: 487에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 488에 나타난 VL 영역;
- (t) 서열번호: 497에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 498에 나타난 VL 영역; 및

(u) 서열번호: 507에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 508에 나타낸 VL 영역.

#### 청구항 12

제11항에 있어서, 상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 239, 서열번호: 249, 서열번호: 259, 서열번호: 269, 서열번호: 279, 서열번호: 289, 서열번호: 299, 서열번호: 309, 서열번호: 399, 서열번호: 409, 서열번호: 419, 서열번호: 429, 서열번호: 439, 서열번호: 449, 서열번호: 459, 서열번호: 469, 서열번호: 479, 서열번호: 489, 서열번호: 499, 및 서열번호: 509로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 것인 결합 분자.

#### 청구항 13

제1항 내지 제7항 중 어느 한 항에 있어서, 서열번호:300 또는 서열번호: 500에 나타낸 아미노산 서열을 갖는 결합 분자.

#### 청구항 14

제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열.

#### 청구항 15

제14항의 핵산 서열을 포함하는 벡터.

#### 청구항 16

제14항에서 정의된 핵산 서열 또는 제15항에서 정의된 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포.

#### 청구항 17

제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 제16항에 정의된 숙주 세포를 배양하고 배양액으로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함하는, 제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 따른 결합 분자의 생산 방법.

#### 청구항 18

제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 따른 결합 분자 또는 제17항의 생산 방법에 따라 생산된 결합 분자를 포함하는 약학적 조성물.

#### 청구항 19

형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선에 사용하기 위한 제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 따른 결합 분자 또는 제17항에 따라 생산된 결합 분자.

#### 청구항 20

제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 따른 결합 분자 또는 제17항에 따라 생산된 결합 분자를, 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 치료 또는 개선 방법.

#### 청구항 21

제20항에 있어서, 상기 형질세포 장애는 다발골수종, 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수외 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 및 무증상 다발골수종으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 방법.

#### 청구항 22

제20항에 있어서, 상기 자가면역 질환은 전신홍반성 낭창인 방법.

#### 청구항 23

제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 정의된 결합 분자, 제14항에 정의된 핵산 분자, 제15항에 정의된 벡터 및/또는 제16항에 정의된 숙주 세포를 포함하는 키트.

#### 청구항 24

BCMA에 결합할 수 있는 결합분자, 바람직하게는 항체의 생성을 위한 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 에피토프 클러스터 4의 용도:

여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41에 상응하며, BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응한다.

#### 청구항 25

- (a) BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 에피토프 클러스터 4를 포함하는 폴리펩타이드로 동물을 면역화시키고,
- (b) BCMA에 결합할 수 있는 항체를 얻고,
- (c) 선택적으로 상기 항체를 인간 BCMA, 및 바람직하게는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 결합 분자로 전환시키는 것을 포함하며,

여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41에 상응하며, BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응하는 것인,

BCMA에 결합할 수 있는 항체, 바람직하게는 결합분자의 생성 방법.

### 명세서

#### 배경 기술

[0001]

BCMA (B-세포 성숙 항원, B-cell maturation antigen, TNFRSF17, CD269)는 TNF 수용체 슈퍼 패밀리에 속하는 막관통 단백질이다. BCMA는 본래 인간 성숙 B 림프구의 골지체의 내재성 막 단백질, 즉, BCMA가 B-세포 발달 및 항상성에 중요한 역할을 갖는 것으로 보인다는 점을 보여주는 세포내 단백질 (Gras et al., (1995) International Immunol 7(7):1093-1105)로서 보고되었다. Gras et al.의 연구결과는, Gras et al.에서 기술되었던 BCMA 단백질이, 염색체 전좌 때문에, BCMA 및 IL-2의 융합 단백질이라는 사실과 관련된 것일 수도 있다. 한편 BCMA는, 그러나, 아마도 그의 리간드 BAFF (B 세포 활성화 인자)와의 필수적인 상호작용에 기인하여, B-세

포 발달 및 항상성 (Schliemann et al., (2001) Science 293 (5537):2111-2114)에 필수적인 B-세포 마커로 확립되었고, 또한 TALL-1 또는 TNFSF13B, 및 APRIL (증식-유도 리간드)로 지정되었다.

- [0002] BCMA 발현은 B-세포 계통에 제한되고 주로 형질 세포 및 형질아세포에 존재하며, 어느정도는 기억 B-세포에 존재하나, 말초 및 미감작 B-세포(naive B-cell)에는 거의 없다. BCMA는 또한 다발성 골수종 (MM) 세포에서 발현된다. 그의 패밀리 구성원인 막관통 활성화자 및 사이클로필린 리간드 인터랙터(transmembrane activator and cyclophilin ligand interactor; TACI) 및 TNF 패밀리 수용체의 B 세포 활성화 인자(BAFF-R)와 함께, BCMA는 체액성 면역, B-세포 발달 및 항상성의 다른 측면을 조절한다. BCMA의 발현은 B-세포 분화의 말기에 다소 나타나고 골수 내 형질아세포 및 형질 세포의 장기간 생존에 기여한다. 마우스에서 BCMA 유전자의 표적된 결실은 성숙 B-세포의 생성, 체액성 면역 반응의 질과 규모, 배중심(germinal center)의 형성 및 수명이 짧은 형질 세포의 생성에 영향을 미치지 않는다. 그러나, 이와 같은 마우스는 골수에서 수명이 긴 형질 세포의 수가 상당히 감소하는데, 이는 그들의 생존에 BCMA가 중요함을 가리킨다 (O'Connor et al., 2004).
- [0003] 이 연구결과와 일치하는 것으로, BCMA는 또한 다발성 골수종 (MM) 세포의 성장 및 생존을 지원한다. Novak et al은 MM 세포주 및 새롭게 단리된(freshly isolated) MM 세포가 그들의 세포 표면에서 BCMA 및 TACI 단백질을 발현하고, 그들의 세포 표면에서 BAFF-R 단백질을 가변적으로 발현하는 것을 알아내었다 (Novak et al., (2004) Blood 103(2):689-694).
- [0004] 다발성 골수종 (MM)은 두 번째로 흔한 혈액학상의 악성종양이고 모든 암 사망의 2%를 차지한다. MM은 외생(heterogenous) 질환이고 대부분 염색체 전좌, 그 중에서도 t(11;14),t(4;14),t(8;14),del(13),del(17)에 의하여 유발된다 (Drach et al., (1998) Blood 92(3):802-809; Gertz et al., (2005) Blood 106(8):2837-2840; Facon et al., (2001) Blood 97(6):1566-1571). MM-발생 환자들은 골수 침윤, 골 파괴, 신부전, 면역결핍에 기인한 다양한 질병-관련 증상, 및 암 진단의 심리사회적 부담을 경험할 수도 있다. 2006년, MM에 대한 5 년의 상대적인 생존율은 대략 34%이었다는 사실은, MM이 현재 치료적 옵션(curative option)이 없는 치료가 어려운 질환임을 강조한다.
- [0005] 화학요법 및 줄기 세포 이식 접근법과 같은 흥미로운 새로운 치료법이 이용가능하게 되고 생존율이 향상되었지만, 때때로 원치않는 부작용을 일으켜, MM은 여전히 불치병으로 남아있다 (Lee et al., (2004) J Natl Compr Canc Netw 8 (4): 379-383). 지금까지, 다발성 골수종 환자에 가장 빈번하게 사용되는 두 가지의 치료 옵션은 스테로이드, 탈리도마이드, 레날리도마이드, 보르테조미 또는 다양한 세포독성제의 조합 및 어린 환자에 대한 자가 줄기 세포 이식과 함께하는 고 용량 화학요법 컨셉이다.
- [0006] 대부분의 이식은 자가 유래 유형, 즉, 환자 자신의 세포를 이용한 것이다. 그러한 이식은, 치료효과가 있는 것은 아니지만, 선택된 환자의 수명을 연장하는 것으로 나타났다. 처음 진단받은 환자에서 최초 치료법으로, 또는 재발시 이식을 실시할 수 있다. 때로, 선택된 환자에서, 질환을 충분히 조절하기 위하여 1회 이상의 이식이 추천될 수도 있다.
- [0007] 질환의 치료를 위하여 사용되는 화학요법제는 사이클로포스파미드, 독소루비신, 빈크리스틴 및 멜팔란이고, 탈리도마이드 (Thalomid®), 레날리도마이드 (Revlimid®), 보르테조미 (Velcade®) 및 코르티코스테로이드 (예를 들어, 텍사메타손)와 같은 면역조절제와의 병용 요법이 새롭게 진단받은 환자 및 화학요법 중이거나 이식에 실패한 질환이 진행된 환자 모두에서 골수종의 치료에 중요한 옵션으로 나타나고 있다.
- [0008] 현재 사용되는 치료법은 대부분 치료효과가 없다. 줄기 세포 이식은 많은 나이, 다른 심각한 병의 존재, 또는 다른 육체적 제한 때문에 많은 환자에서 옵션이 될 수 없다. 화학요법만이 부분적으로 다발성 골수종을 제어하지만, 화학요법은 극히 드물게만 완전 관해를 이끈다. 따라서, 새로운, 획기적인 치료제가 시급히 필요하다.
- [0009] Bellucci et al. (Blood, 2005; 105(10)은 공여자 림프구 주입술 (donor lymphocyte infusion; DLI)을 받은 후의, 다발성 골수종 환자에서 BCMA-특이적 항체를 동정하였다. 이 환자들의 혈청은 ADCC 및 CDC에 의한 BCMA-특이적 세포 용해를 매개할 수 있었고 이는 항-종양 반응이 있는 환자 (4/9)에서만 검출되었고, 비-반응 환자 (0/6)에서는 검출되지 않았다. 저자들은 BCMA의-특이적 항체의 유도가 골수종 세포의 제거 및 환자의 장기간 관해를 일으키는 것으로 추측하였다.
- [0010] Ryan et al. (Mol. Cancer Ther. 2007; 6(11))은 정상 및 악성 B-세포에서 강한 생존성(pro-survival) 신호 경로와 관련된 NF- $\kappa$ B 활성화를 막는 길항적 BCMA-특이적 항체의 생성을 보고하였다. 또한, 인 비트로에서, 상기 항체는 Fc-엔지니어링에 의하여 상당히 향상된 다발성 골수종 세포주에 대한 강한 항체-의존성 세포-매개 세포

독성 (antibody-dependent cell-mediated cytotoxicity; ADCC)을 수여하였다.

[0011] 혈액-유래 종양(blood-borne tumors) 또는 자가면역 질환과 싸우는 다른 접근법은 BAFF 및 APRIL 사이의 상호작용, 즉, TNF 리간드 수퍼 패밀리의 리간드, 및 BAFF 및/또는 APRIL에 의하여 활성화된 그들의 수용체 TACI, BAFF-R 및 BCMA를 중점으로 한다. 예를 들어, 인간 면역글로불린의 Fc-도메인을 TACI 에 융합함에 의하여, Zymogenetics, Inc.는 아타시셉트(Atacicept; TACI-Ig)를 생성하여 이 리간드들을 모두 중화시키고 수용체의 활성화를 막았다. 아타시셉트는 현재 B-세포 악성 만성 림프구성 백혈병 (chronic lymphocytic leukaemia, CLL), 비-호지킨 림프종(non-Hodgkins lymphoma, NHL) 및 MM의 치료에 대한 I 상 임상 시험뿐 아니라, 전신성 홍반성 루푸스(systemic Lupus Erythematosus, SLE, III 상), 다발성 경화증(multiple sclerosis, MS, II 상) 및 류마티스 관절염(rheumatoid arthritis, RA, II 상)의 치료에 대한 임상 시험 중이다. 전임상 연구에서, 아타시셉트는 인 비트로 (Moreaux et al, Blood, 2004, 103) 및 인 비보에서 (Yaccoby et al, Leukemia, 2008, 22, 406-13)에서 일차 MM 세포 및 MM 세포주의 성장 및 생존을 감소시켰고, 이는 MM 세포에 대한 TACI 리간드의 관련성을 검증하는 것이다. 대부분의 MM 세포 및 유래 세포주는 BCMA 및 TACI를 발현하기 때문에, 양 수용체는 리간드-매개 성장 및 생존에 기여할 수도 있다. 이 데이터들은 BCMA 및 TACI 모두를 길항하는 것이 형질 세포 장애(plasma cell disorder)의 치료에 유용할 수도 있음을 제시한다. 또한, TACI와 교차 반응하는 BCMA-특이적 항체가 기술되어 있다 (WO 02/066516).

[0012] Human Genome Sciences 및 GlaxoSmithKline은 벨리무맙(Belimumab)이라고 불리는 BAFF를 표적화하는 항체를 개발하였다. 벨리무맙(Belimumab)은 B 세포에서 가용성 BAFF가 그의 수용체 BAFF-R, BCMA 및 TACI에 결합하는 것을 차단한다. 벨리무맙은 B 세포에 직접적으로 결합하지는 않으나, BAFF에 결합함으로써, 벨리무맙은 자가반응성 B 세포를 포함한 B 세포의 생존을 억제하고 B 세포의 면역글로불린-생성 형질 세포로의 분화를 감소시킨다.

[0013] 그러나, 암 및/또는 자가면역 질환에 대한 싸움에서, BCMA; BAFF-R 및 TACI, 즉, TNF 수용체 수퍼 패밀리에 속하는 B 세포 수용체, 및 그들의 리간드 BAFF 및 APRIL가 치료법에 쓰인다는 사실에도 불구하고, 이와 같은 의학 적 상태를 치료하기 위한 가능한 다른 옵션의 필요성이 여전히 존재한다.

[0014] 따라서, 세포독성 세포, 즉, 세포독성 T 세포에 대한 하나의 결합 도메인 및 BCMA에 대한 제2 결합 도메인을 갖는 적어도 이중특이적인 결합 분자의 형성에서, 이 문제점을 해결하기 위한 수단 및 방법이 여기에 제공된다.

## 발명의 내용

### 도면의 간단한 설명

[0015] (이하에서, 도 A [+숫자]는 도 숫자 + [A]라고도 표기하고, 마찬가지로 도 B [+숫자], 도 C [+숫자] 및 도 D [+숫자]는, 각각, 도 숫자 + [B], 도 숫자 + [C], 및 도 숫자 + [D]라고도 표기한다. 번역자 주)

#### 도 1:

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

#### 도 2:

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

#### 도 A3:

키메릭 BCMA 구조체의 에피토프 맵핑에 의하여 검출된 것으로서, 에피토프 클러스터 E3 및 E4에 특이적으로 결합 분자들의 예들 (실시에 A3 참조). 어떤 결합 분자는 부가적으로 인간 BCMA의 39 ("E7")번 위치의 아르기닌 아미노산 잔기에 결합할 수 있다.

**도 B3:**

인간 및 무린 BCMA에 특이적으로 결합 분자의 예 (실시에 B3 참조).

**도 C3:**

키메릭 BCMA 구조체의 에피토프 맵핑에서 검출된 것으로서, 에피토프 클러스터 E1 및 E4에 특이적으로 결합 분자의 예 (실시에 C3 참조).

**도 D3:**

에피토프 맵핑에서 검출된 것으로서, 무린 BCMA와 교차-반응성이 없고 다른 키메릭 BCMA 구조체에 부가적으로 결합하는 인간 BCMA에 결합 분자의 예 (실시에 D3 참조).

**도 A4:**

Biacore 시스템을 이용하여, 인간 및 마카크 BCMA에 이중특이적으로 결합 분자 (항 BCMA x 항 CD3)의 결합 상수의 결정. CM5 칩 상에서, 항원을 낮은 밀도 내지 중간 밀도 (100 RU)로 고정시켰다. 칩 표면에 결합제의 희석액을 부유시켰고 BiaEval Software를 이용하여 결합 여부를 결정하였다. 각각의 결합제의 해리속도(off-rates) 및 결합 상수 (KD) 각각을 매 그래프의 아래에 표기하였다.

**도 B4:**

인간 BCMA 형질감염된 CHO 세포를 이용한 FACS에서, 성숙한 scFv 분자 친화성의 기능성 및 결합력을 분석하였다. 형광 강도의 로그 대 상대적인 세포수로 그린, 주변세포질 E. coli 세포 추출물의 연속적인 1:3 희석의 FACS 히스토그램으로서 결과를 도시하였다.

**도 C4:**

인간 BCMA 및 마카크 BCMA로 형질감염된 CHO 세포를 이용한 FACS에서, 성숙한 scFv 분자 친화성의 기능성 및 결합력을 분석하였다. 형광 강도의 로그 대 상대적인 세포수로 그린, 주변세포질 E. coli 세포 추출물의 연속적인 1:3 희석의 FACS 히스토그램으로서 결과를 도시하였다.

**도 D4:**

Biacore 시스템을 이용하여, 인간 및 마카크 BCMA에 이중특이적으로 결합 분자 (항 BCMA x 항 CD3)의 결합 상수의 결정. CM5 칩 상에서, 항원을 낮은 밀도 내지 중간 밀도(100 RU)로 고정시켰다. 칩 표면에 결합제의 희석액을 부유시켰고 BiaEval Software를 이용하여 결합 여부를 결정하였다. 각각의 결합제의 해리속도(off-rates) 및 결합 상수 (KD) 각각을 매 그래프의 아래에 표기하였다.

**도 A5:**

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

**도 D5:**

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

**도 A6**

Biacore 시스템을 이용하여, 인간 및 마카크 BCMA, 및 인간 및 마카크 CD3 상의 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 결합 상수의 결정. CM5 칩 상에서, 항원을 낮은 밀도 내지 중간 밀도 (100-200 RU)로 고정시켰다. 칩 표면에 결합제의 희석액을 부유시켰고 BiaEval Software를 이용하여 결합 여부를 결정하였다. 각각의 이중특이적 항체의 결합속도(on-rate) 및 해리속도(off-rate) 및 그 결과로 얻은 결합 상수 (KD) 각각을 매 그래프의 아래에 표기하였다.

**도 A7**

지정된 세포주 상의 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 FACS 분석: 1) 인간 BCMA 형질감염된 CHO 세포, 2) 인간 CD3 양성 인간 T 세포주 HBP-모든, 3) 마카크 BCMA 형질감염된 CHO 세포, 4) 마카크 T 세포주 4119 LnPx, 5) BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 및 6) 비형질감염된 CHO 세포. 음성 대조군 [1) to 6)]: BCMA/CD3 이중특이적 항체의 전처리 없이 항체 검출.

#### 도 A8

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

#### 도 A9

인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 18-시간 51-크로뮴 방출 어세이로 측정된, 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 자극된 강화된(enriched) 인간 CD8 T 세포. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율: 10:1.

#### 도 A10

48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 비자극된 인간 PBMC. 표적 세포: 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T)-비율: 10:1.

#### 도 A11

BAFF-R 및 TACI 형질감염된 CHO 세포에서 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 FACS 분석. 세포주: 1) 인간 BAFF-R 형질감염된 CHO 세포, 2) 인간 TACI 형질감염된 CHO 세포 3) 다발성 골수종 세포주 L363; 음성 대조군: BCMA/CD3 이중특이적 항체의 전처리 없이 항체 검출. 양성 대조군: BAFF-R 검출: 항-염소 항체-PE (Jackson 705-116-147; 1:50) TACI-검출에 의해 검출된 염소 항 hu BAFF-R (R&D AF1162; 1:20): 염소 항 토끼-항체 PE (Sigma P9757; 1:20)에 의해 검출된 토끼 항 TACI 항체 (abcam AB 79023; 1:100).

#### 도 A12

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

#### 도 A13

48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성. 효과기 세포: 비자극된 인간 PBMC. 표적 세포: 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (내츄럴 BCMA 발현자). 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T)-비율: 10:1.

#### 도 A14

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

#### 도 A15

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

#### 도 A16:

진행중인(advanced-stage) NCI-H929 이중이식 모델에서 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 항-종양 활성 (실시에 A16 참조).

**도 A17:**

표적 세포로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, L-363 및 OPM-2; 및 효과기 세포로서 인간 PBMC를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이(48h; E:T = 10:1). 도면은 에피토프 클러스터 E3/E4±7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도 증가에 따른 IL-2, IL-6, IL-10, TNF 및 IFN-감마에 대하여 검출한 사이토카인의 수준[pg/ml]을 나타낸다 (실시에 A22 참조).

**발명을 실시하기 위한 구체적인 내용**

- [0016] 여기에서 사용된 것으로 단수 형태 "어(a)", "언(an)" 및 "더(the)"는 문맥상 명백히 다른 의미를 나타내지 않는 한 복수 형태를 포함함을 주지해야 한다. 따라서, 예를 들어, "시약(a reagent)"은 하나 또는 그 이상의 다른 시약을 포함하고, "그 방법(the method)"은 여기에서 기술된 그 방법으로부터 변형 또는 치환될 수 있는 것으로 업계에서 통상의 기술자에게 알려진 동등한 단계 및 방법을 포함한다.
- [0017] 다른 표기가 없는 한, 일련의 요소들의 앞에 오는 용어 "적어도(at least)"는 시리즈의 매 요소를 지칭하는 것으로 이해된다. 당업자는 더 이상의 통상적 실험을 하지 않고도 여기에서 기술된 본 발명의 구체체에 대한 많은 균등물들을 인지하거나 알아낼 수 있을 것이다. 이와 같은 균등물들은 본 발명에 포함되는 것으로 의도된다.
- [0018] 용어 "및/또는(and/or)"은 어디에서 사용되는지에 관계없이 "및(and)", "또는(or)" 및 "상기 용어에 연결되는 모든 요소 또는 요소들의 다른 어떤 조합"의 의미를 포함한다.
- [0019] 여기에서 사용된 것으로 용어 "약" 또는 "대략"은 주어진 값 또는 범위의  $\pm 20\%$  이내, 바람직하게는  $\pm 15\%$  이내, 더욱 바람직하게는  $\pm 10\%$  이내, 및 가장 바람직하게는  $\pm 5\%$ 이내를 의미한다.
- [0020] 본 명세서 및 다음에 나오는 청구항들을 통해서, 문맥상 달리 요구되지 않는 한, 단어 "포함하다(comprise)" 및 "포함하다(comprises)" 및 "포함하는(comprising)"과 같은 변형들은, 정해진 수(integer) 또는 단계 또는 수 또는 단계들의 그룹을 포함하되, 다른 어떤 수 또는 단계 또는 수 또는 단계들의 그룹을 배제하지 않음을 암시하는 것으로 이해될 것이다. 여기에서 용어 "포함하는(comprising)"이 사용되는 경우, 용어 "함유하는(containing)" 또는 "포함하는(including)" 또는 때때로 여기에서 사용되는 용어 "가지는(having)"으로 대체될 수 있다.
- [0021] 여기에서 사용되는 "이루어진(consisting of)"은 청구항의 요소로 명시되지 않은 임의의 요소, 단계, 또는 성분을 배제한다. 여기에서 사용되는, "필수적으로 이루어진(consisting essentially of)"은 청구항의 기본적인이고 신규한 특성에 실질적으로 영향을 주지 않는 물질 또는 단계를 배제하지 않는다.
- [0022] 각 경우에서 "포함하는", "필수적으로 이루어진(consisting essentially of)" 및 "이루어진(consisting of)" 중 어느 용어는 다른 두 용어로 대체될 수도 있다.
- [0023] **일반적 기재**
- [0024] 에피토프 클러스터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7은 BCMA의 세포외 도메인에 포함된다. "BCMA 세포외 도메인" 또는 "BCMA ECD"는 본질적으로 BCMA의 막관통 및 세포질 도메인이 없는 BCMA의 형태이다. 통상의 기술자는 본 발명의 BCMA 폴리펩티드에 대하여 확인된 막관통 도메인이 소수성 도메인의 종류를 확인하기 위하여 업계에서 쓰이는 통상적인 기준에 따라 확인되었음을 이해할 것이다. 막관통 도메인의 정확한 경계는 다를 수도 있으나, 여기에서 구체적으로 언급된 도메인 말단의 약 5개 아미노산 이하로 차이가 있고, 대부분 유사하다. 바람직한 BCMA ECD는 서열번호: 1007에서 보여준다. 바람직한 뮤린 ECD는 서열번호: 1008에서 보여준다.
- [0025] 에피토프 클러스터 1은 인간 BCMA 세포외 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 1 내지 7에 상응하고, 에피토프 클러스터 2는 인간 BCMA 세포외 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 8 내지 21에 상응하며, 에피토프 클러스터 3은 인간 BCMA 세포외 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 24 내지 41에 상응하고, 에피토프 클러스터 4는 인간



BCMA 세포의 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 42 내지 54에 상응하며, 에피토프 클러스터 5는 인간 BCMA 세포의 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 22에 상응하고, 에피토프 클러스터 6은 인간 BCMA 세포의 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 25에 상응하며, 에피토프 클러스터 7은 인간 BCMA 세포의 도메인 (서열번호:1007)의 아미노산 39에 상응한다. 에피토프 클러스터 5 내지 7은 단일 아미노산 치환을 나타내는 것으로 생각된다.

[0026] T 세포 CD3 수용체 복합체는 단백질 복합체이고 네 개의 별개의 사슬로 구성된다. 포유류에서, 상기 복합체는 CD3  $\gamma$  사슬, CD3  $\delta$  사슬, 및 두 개의 CD3  $\epsilon$  (엡실론) 사슬을 함유한다. 이 사슬들은 T 림프구에서 활성화 신호를 생성하는 T 세포 수용체 (TCR) 및  $\zeta$  사슬로 알려진 분자와 관련된다.

[0027] 이중특이적 분자에 의한 T 세포의 모집(recruitment)을 통한 표적 세포의 리다이렉션된(redirected) 용해는 세포용해(cytolytic) 시냅스 형성 및 퍼포린 및 그랜자임(granzymes)의 운반과 연관된다. 관계된 T 세포는 연속적으로 표적 세포를 용해할 수 있고 펩티드 항원 처리 및 제시, 또는 클로날 T 세포 분화를 간접하는 면역 회피 메커니즘에 영향을 받지 않는다; 예를 들어, WO 2007/042261 참조.

[0028] 본 명세서 상에서 용어 "결합 분자(binding molecule)"는 표적 분자 BCMA 및 CD3를 인지하거나 그들과 상호작용하여 (특이적으로) 결합할 수 있는 임의의 분자를 가리킨다. 본 발명에 따른, 결합 분자는 바람직하게는 폴리펩티드이다. 이와 같은 폴리펩티드는 단백질 부분(proteinaceous parts) 및 비-단백질 부분(non-proteinaceous parts) (예컨대, 글루타르알데히드와 같은 화학적 링커 또는 화학적 가교제)을 포함할 수도 있다.

[0029] 이를 테면, 결합 분자는 상기 하나 또는 그 이상의 결합 도메인을 위한 스캐폴드를 제공하여 표적 분자 BCMA 및 CD3와 상기 결합 도메인이 결합/상호작용할 수 있도록 한다. 예를 들어, 이와 같은 스캐폴드는 단백질 A, 특히, 그들의 Z-도메인 (어피바디; affibodies), ImmE7 (면역 단백질), BPTI/APPI (Kunitz 도메인), Ras-결합 단백질 AF-6 (PDZ-도메인), 카리브도톡신 (전갈 독소), CTLA-4, Min-23 (knottins), 리포칼린 (안티칼린), 네오카르지노스타틴(neokarzinostatin), 피브로넥틴 도메인, 안키린 공통 반복 도메인 또는 티오레독신(thioredoxin)에 의해 제공될 수 있다 (Skerra, Curr. Opin. Biotechnol. 18, 295-304 (2005); Hosse et al., Protein Sci. 15, 14-27 (2006); Nicaise et al., 단백질 Sci. 13, 1882-1891 (2004); Nygren and Uhlen, Curr. Opin. Struc. Biol. 7, 463-469 (1997)). 바람직한 결합 분자는 항체이다.

[0030] 본 발명의 결합 분자는, 또한 표적 분자 BCMA 및 CD3에 결합하는 기능에 더하여, 추가의 기능을 갖는 것으로 생각된다. 이 형식에서, 결합 분자는 BCMA에 결합하는 것을 통하여 형질 세포를 표적하고, CD3에 결합하는 것을 통하여 세포독성 T 세포 활성을 매개하며, NK 세포와 같은 효과기 세포의 모집, 표지 (형광 등), 예를 들어 독소 또는 방사성 핵종(radionuclide)과 같은 치료제, 및/또는 혈청 반-감기를 향상시키는 수단, 등을 통하여 항체-의존성 세포의 세포독성을 매개하는 완전 기능성(fully functional) Fc 불변 도메인과 같은 추가 기능을 제공하는 삼중-(tri-) 또는 다중기능성(multifunctional) 결합 분자이다.

[0031] 여기에서 사용된 것으로 용어 "이중특이적(bispecific)"은 적어도 제 1 및 제 2 결합 도메인을 포함하는 결합 분자를 말하는 것으로, 여기에서 상기 제 1 결합 도메인은 하나의 항원 또는 표적에 결합할 수 있으며, 상기 제 2 결합 도메인은 다른 항원 또는 표적에 결합할 수 있다. 본 발명의 "결합 분자"는 또한 예컨대, 세 개의 결합 도메인을 포함하는, 삼중 특이적(trispecific) 결합 분자와 같은 다중특이적(multispecific) 결합 분자를 포함한다.

[0032] 기존의 (단일클론) 항체로부터 스캐폴드로, 예를 들어, 여기에서 기술되는 스캐폴드로, CDR 서열 그래프팅(grafting)보다는 파지-디스플레이 또는 라이브러리 스크리닝법에 의하여 결합 분자가 생성되는(또는 얻어지는)것으로 고려된다.

[0033] 본 발명과 관련되어, 용어 "결합 도메인(binding domain)"은 표적 분자 BCMA 및 CD3에서 주어진 표적 에피토프 또는 주어진 표적 부위에(와) 특이적으로 결합/상호작용하는 도메인임을 특징으로 한다.

[0034] 결합 도메인은 예를 들어 항체, 단백질 A, ImmE7 (면역 단백질), BPTI/APPI (Kunitz 도메인), Ras-결합 단백질

AF-6 (PDZ-도메인), 카리브도톡신(charybdotoxin) (Scorpion toxin), CTLA-4, Min-23 (knottins), 리포칼린 (lipocalins) (anticalins), 네오크르지노스타틴(neokarzinostatin), 피브로넥틴 도메인, 안키린 공통 반복 도메인(ankyrin consensus repeat domain) 또는 티오레독신(thioredoxin)과 같은 결합 도메인 공여자로부터 유래될 수 있다(Skerra, Curr. Opin. Biotechnol. 18, 295-304 (2005); Hosse et al., Protein Sci. 15, 14-27 (2006); Nicaise et al., Protein Sci. 13, 1882-1891 (2004); Nygren and Uhlen, Curr. Opin. Struc. Biol. 7, 463-469 (1997)). 바람직한 결합 도메인은 항체로부터 유래된다. 본 발명의 결합 도메인은 표적 분자 BCMA 및 CD3상의 주어진 표적 에피토프 또는 주어진 표적 부위에(와) 결합/상호작용하는데 필요한 앞서 언급한 결합 도메인 중 적어도 일부를 포함하는 것으로 고려된다.

[0035] 앞서 언급한 결합 도메인 공여자의 결합 도메인은 각각의 표적에의 결합에 중요한 이들 공여자의 부분을 특징으로 하는, 즉, 결합 도메인 공여자로부터 그 부분이 제거되면, 상기 공여자의 결합 능력이 소실됨이 고려된다. "소실하다(Loses)"는 결합 공여자와 비교하였을 때 적어도 50%의 결합력 감소를 의미한다. 이 결합하는 부위들을 맵핑하는 방법은 당업계에 잘 알려져 있다. 따라서 결합 도메인 공여자의 결합 부위의 위치를 찾고/맵핑하고, 그에 따라, 각각의 결합 도메인 공여자로부터 상기 결합 도메인을 "끌어내는(derive)" 것은 통상의 기술자의 표준 지식 범위 내이다.

[0036] 용어 "에피토프(epitope)"는, 항체 또는 면역글로불린 또는 유도체 또는 항체 또는 면역글로불린의 단편 등과 같은, 결합 도메인이 특이적으로 결합하는 항원의 부위이다. "에피토프"는 항원성이고 따라서 용어 에피토프는 때때로 또한 "항원성 구조(antigenic structure)" 또는 "항원성 결정기(antigenic determinant)"라고도 한다. 따라서, 결합 도메인은 "항원-상호작용-부위(antigen-interaction-site)"이다. 상기 결합/상호작용은 또한 "특이적 인지(specific recognition)"를 정의하는 것으로 이해된다. 한 구체예에서, 표적 분자 BCMA 및 CD3의 주어진 표적 에피토프 또는 주어진 표적 부위에(와) (특이적으로) 결합/상호작용하는 상기 결합 도메인은 항체 또는 면역글로불린이고, 상기 결합 도메인은 항체 또는 면역글로불린의 VH 및/또는 VL 영역이다. "에피토프들(epitopes)"은 인접 아미노산 또는 단백질의 3차 접힘에 의하여 나란히 놓이는 비-인접 아미노산에 의하여 형성될 수 있다.

[0037] "선형 에피토프(linear epitope)"는 아미노산 1차 서열이 인지되는 에피토프를 포함하는 에피토프이다. 선형 에피토프는 특유의 서열에서 전형적으로 적어도 3 또는 적어도 4, 및 더욱 일반적으로는, 적어도 5 또는 적어도 6 또는 적어도 7, 예를 들어, 약 8 내지 약 10 개의 아미노산을 포함한다.

[0038] "입체적 에피토프(conformational epitope)"는, 선형 에피토프와 달리, 인지되는 에피토프의 구성 성분으로 정의되는 에피토프를 포함하는 아미노산의 1차 서열이 단 하나가 아닌 (예를 들어, 결합 도메인에 의하여 아미노산의 1차 서열이 본질적으로 인지되지 않는 에피토프) 에피토프이다. 전형적으로 입체적 에피토프는 선형 에피토프와 비교하여 증가된 수의 아미노산을 포함한다. 입체적 에피토프의 인지와 관련하여, 결합 도메인은 항원의 3-차원 구조, 바람직하게는 펩티드 또는 단백질 또는 그의 단편 (본 발명의 문맥에서, 하나의 결합 도메인에 대한 항원은 BCMA 단백질 내에 포함된다)을 인지한다. 예를 들어, 단백질 분자가 접혀서 3-차원 구조를 형성하면, 입체적 에피토프를 형성하는 특정 아미노산 및/또는 폴리펩티드 백본(backbone)은 항체가 에피토프를 인지할 수 있도록 나란히 위치하게 된다. 에피토프의 입체 형태를 결정하는 방법은 x-ray crystallography, 2-차원 핵 자기공명(two-dimensional nuclear magnetic resonance, 2D-NMR) 분광 및 위치-지향 스핀 라벨링(site-directed spin labelling) 및 전자 상자성 공명(electron paramagnetic resonance, EPR) 분광을 포함하나, 이에 제한되는 것은 아니다. 또한, 제공되는 실시예들은 주어진 결합 도메인이 주어진 단백질, 특히 BCMA의 하나 또는 그 이상의 에피토프 클러스터(들)에 결합하는지 여부를 시험하는 추가의 방법을 기술한다.

[0039] 여기에서 사용된 것으로, 용어 "에피토프 클러스터(epitope cluster)"는 항원의 정의된 인접한 구간(contiguous stretch) 내에 놓인 에피토프 전체를 지칭한다. 에피토프 클러스터는 하나, 둘 또는 그 이상의 에피토프를 포함할 수 있다. BCMA의 세포의 도메인에서 - 본 발명의 문맥에서 - 정의된 에피토프 클러스터는 위에서 기술되고 도 1에 도시된다.

[0040] 본 발명과 부합되는 용어 "에 결합하는(할 수 있는)", "특이적으로 인지하는(specifically recognizing)", "로 향하는(directed to)" 및 "와 반응하는"은 결합 도메인이 에피토프의 하나 또는 그 이상, 바람직하게는 적어도

두 개, 더욱 바람직하게는 적어도 세 개 및 가장 바람직하게는 적어도 네 개의 아미노산과 특이적으로 반응할 수 있음을 의미한다.

[0041] 여기에서 사용된 것으로, 용어 "특이적으로 상호작용하는", "특이적으로 결합하는" 또는 "특이적인 결합(들)"은 결합 도메인이 특정 단백질 또는 항원에 뚜렷한 친화성을 보이고, 일반적으로, BCMA 또는 CD3와의 단백질 또는 항원과 유의한 반응성을 나타내지 않음을 의미한다. "뚜렷한 친화성"은 약  $10^{-6}$  M (KD) 또는 그보다 강한 친화성으로 결합하는 것을 포함한다. 바람직하게는, 결합 친화성이 약  $10^{-12}$  내지  $10^{-8}$  M,  $10^{-12}$  내지  $10^{-9}$  M,  $10^{-12}$  내지  $10^{-10}$  M,  $10^{-11}$  내지  $10^{-8}$  M, 바람직하게는 약  $10^{-11}$  내지  $10^{-9}$  M인 경우 결합이 특이적인 것으로 여겨진다. 결합 도메인이 표적과(예) 특이적으로 반응하거나 결합하는지는 쉽게 시험될 수 있고, 그 중에서도, 상기 결합 도메인의 표적 단백질 또는 항원과의 반응을 상기 결합 도메인의 BCMA 또는 CD3 이외의 다른 단백질 또는 항원과의 반응과 비교함으로써 시험될 수 있다. 바람직하게는, 본 발명의 결합 도메인은 BCMA 또는 CD3와의 단백질 또는 항원과 본질적으로 결합하지 않거나 결합할 수 없다 (즉, 제 1 결합 도메인은 BCMA와의 다른 단백질에 결합할 수 없고 제 2 결합 도메인은 CD3와의 다른 단백질에 결합할 수 없다).

[0042] 특이적 결합은 결합 도메인 및 항원의 아미노산 서열의 특이적 모티프에 의하여 영향을 받는 것으로 여겨진다. 따라서, 결합은 그들의 1차, 2차 및/또는 3차 구조의 결과 및 상기 구조들의 2차 변형으로서 달성된다. 항원-상호작용-부위의 그의 특이적 항원과의 특이적 상호작용은 항원에 대한 상기 부위의 간단한 결합 때문일 수도 있다. 또한, 항원-상호작용-부위의 그의 특이적 항원과의 특이적 상호작용은 대신하여 또는 부가적으로, 예를 들어, 항원의 입체 형태의 변화의 유도에 기인하는 신호의 시작, 항원의 올리고머화, 등으로 인한 것일 수도 있다.

[0043] 용어 "필수적으로 결합하지 않는다" 또는 "결합할 수 없다"는 본 발명의 결합 도메인이 BCMA 또는 CD3 이외의 다른 단백질 또는 항원에 결합하지 않음을, 즉, BCMA 또는 CD3 각각에 결합하는 것을 100% 로 예정할 때 BCMA 또는 CD3 이외의 다른 단백질 또는 항원과 30% 초과, 바람직하게는 20% 초과, 더욱 바람직하게는 10% 초과, 특히 바람직하게는 9%, 8%, 7%, 6% 또는 5% 초과, 반응성을 보이지 않는 것을 의미한다.

[0044] 단백질 (보통 30개 미만의 아미노산을 가지는 그의 단편, 바람직하게는 생물학적 활성 단편, 및 펩티드를 포함하는)은 공유 펩티드 결합을 통하여 서로 결합된 하나 또는 그 이상의 아미노산 (아미노산의 사슬이 되는)을 포함한다. 여기에서 사용된 것으로 용어 "폴리펩티드(polypeptide)"는 30개 초과, 아미노산으로 이루어진 분자의 그룹을 의미한다. 폴리펩티드는 추가로 다이머, 트리머 및 고차원의 올리고머와 같은, 즉, 하나 초과, 폴리펩티드 분자로 이루어진 멀티머를 형성할 수도 있다. 다이머, 트리머 등을 형성하는 폴리펩티드 분자는 동일할 수도 있고 동일하지 않을 수도 있다. 멀티머와 같은 고차원 구조에 해당하는 것은, 따라서, 호모- 또는 헤테로다이머, 호모- 또는 헤테로트리머 등으로 칭한다. 헤테로멀티머의 예는, 자연적으로 일어나는 형태에서, 두 개의 동일한 폴리펩티드 경쇄 및 두 개의 동일한 폴리펩티드 중쇄로 이루어진 항체 분자이다. 용어 "폴리펩티드" 및 "단백질"은 또한 자연적으로 변형된 폴리펩티드/단백질이고, 상기 변형은 예를 들어, 글리코실화, 아세틸화, 인산화 등과 같은 번역-후 변형(post-translational modification)에 의하여 영향을 받는다. "폴리펩티드"가 여기에서 사용되는 경우 또한 폐길화와 같이 화학적으로 변형될 수도 있다. 이와 같은 변형은 업계에 잘 알려져 있다.

[0045] 용어 "아미노산" 또는 "아미노산 잔기" 는 일반적으로 알라닌 (Ala 또는 A); 아르기닌 (Arg 또는 R); 아스파라긴 (Asn 또는 N); 아스파르트산(Asp 또는 D); 시스테인 (Cys 또는 C); 글루타민 (Gln 또는 Q); 글루탐산(Glu 또는 E); 글리신 (Gly 또는 G); 히스티딘 (His 또는 H); 이소류신 (Ile 또는 I); 류신 (Leu 또는 L); 리신 (Lys 또는 K); 메티오닌 (Met 또는 M); 페닐알라닌 (Phe 또는 F); 프롤린 (Pro 또는 P); 세린 (Ser 또는 S); 트레오닌 (Thr 또는 T); 트립토판 (Trp 또는 W); 티로신 (Tyr 또는 Y); 및 발린 (Val 또는 V) 으로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산과 같이 당업계에서 인지도 정의를 갖는 아미노산을 말하나, 변경, 합성 또는 드문 아미노산도 필요한 경우 사용될 수 있다. 일반적으로, 아미노산은 비극성 측쇄 (예를 들어, Ala, Cys, Ile, Leu, Met, Phe, Pro, Val); 음전하 측쇄 (예를 들어, Asp, Glu); 양전하 측쇄 (예를 들어, Arg, His, Lys); 또는 비

하전된 극성 측쇄 (예를 들어, Asn, Cys, Gln, Glu, His, Met, Phe, Ser, Thr, Trp, 및 Tyr)을 갖는 것으로 군이 나뉜다.

[0046] 용어 "항체(antibody)"의 정의는 단일클론, 키메라, 단일 사슬, 인간화된 및 인간 항체와 같은 예들을 포함한다. 전장 항체에 더하여, 상기 정의는 또한 항체 유도체 및 항체 단편, 그 중에서도, Fab 단편 등과 같은 것을 포함한다. 항체 단편 또는 유도체는 또한,  $F(ab')_2$ , Fv, scFv 단편 또는 항체 도메인 항체 또는 나노바디(nanobodies)와 같은 단일 도메인, 다른 V 영역 또는 도메인의 독립적인 에피토프 또는 항원에 특이적으로 결합하는, VHH, VH 또는 VL일 수도 있는, 단지 하나의 가변 도메인만을 포함하는 단일 가변 도메인 항체 또는 면역글로불린 단일 가변 도메인을 포함한다; 예를 들어, Harlow and Lane (1988) 및 (1999), loc. cit.; Kontermann and Dubel, *Antibody Engineering*, Springer, 2nd ed. 2010 및 Little, *Recombinant Antibodies for Immunotherapy*, Cambridge University Press 2009, 참조. 상기 용어는 또한 디아바디(diabodies) 또는 이중-친화 재-표적(Dual-Affinity Re-Targeting, DART) 항체를 포함한다. 또한 (이중특이적) 단일 사슬 디아바디(diabodies), 탠덤 디아바디(tandem diabodies) (Tandab's), 다음의 구조로 예시되는 "미니바디(minibodies)"가 고려된다:  $(VH-VL-CH3)_2$ ,  $(scFv-CH3)_2$  또는  $(scFv-CH3-scFv)_2$ , "Fc DART" 항체 및 "IgG DART" 항체, 및 트리아바디(triabodies) 같은 멀티바디(multibodies).

[0047] 면역글로불린 단일 가변 도메인은 분리된 항체 단일 가변 도메인 폴리펩티드 및 항체 단일 가변 도메인 폴리펩티드 서열의 하나 또는 그 이상의 모노머를 포함하는 더 큰 폴리펩티드를 포함한다.

[0048] 이와 같은 항체 및/또는 단편의 제조를 위한 다양한 공정이 당업계에 알려져 있고 사용될 수도 있다. 따라서, 펩티도미메틱(peptidomimetics)에 의하여 (항체) 유도체가 제조될 수 있다. 또한, 단일 사슬 항체 제조를 기술하는 기술 (그 중에서도, US 특허 4,946,778, Kontermann and Dubel (2010), loc. cit. 및 Little (2009), loc. cit. 참조)은 개조되어 선택된 폴리펩티드(들)에 특이적인 단일 사슬 항체를 생성할 수 있다. 또한, 형질 전환 동물을 이용하여 본 발명의 폴리펩티드 및 융합 단백질에 특이적인 인간화된 항체를 발현할 수도 있다. 단일클론 항체의 준비를 위하여, 연속된 세포주 배양에 의하여 제조되는 항체를 제공하는 어떠한 기술도 이용될 수 있다. 이와 같은 기술의 예는 인간 단일클론 항체를 제조하기 위한 하이브리도마 기술 (Kohler and Milstein *Nature* 256 (1975), 495-497), 트리오마 기술(trioma technique), 인간 B 세포 하이브리도마 기술 (Kozbor, *Immunology Today* 4 (1983), 72) 및 EBV 하이브리도마 기술을 포함한다(Cole *et al.*, *Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy*, Alan R. Liss, Inc. (1985), 77-96). BIAcore 시스템에 쓰이는 표면 플라즈몬 공명을 사용하여 CD3 앵글론과 같은 표적 폴리펩티드의 에피토프에 결합하는 파지 항체의 효율을 증가시킬 수 있다 (Schier, *Human Antibodies Hybridomas* 7 (1996), 97-105; Malmborg, J. *Immunol. Methods* 183 (1995), 7-13). 본 발명의 문맥에서 용어 "항체"는 아래에서 기술되는 바와 같이, 숙주에서 발현될 수도 있는 항체 구조체, 예를 들어, 그 중에서도, 바이러스 또는 플라스미드 벡터로 형질감염되고/되거나 형질도입된 항체 구조체를 포함하는 것으로 또한 생각된다.

[0049] 또한, 여기에서 쓰이는 것으로, 용어 "항체"는 기술된 항체와 동일한 특이성을 나타내는 여기에서 기술된 항체의 유도체 또는 변이체에 관한 것이다. "항체 변이체(antibody variants)"의 예는 비-인간 항체의 인간화된 변이체, 효과기 기능(들)이 변경된 "성숙한 친화성(affinity matured)" 항체 (예를 들어, Hawkins *et al.* *J. Mol. Biol.* 254, 889-896 (1992) 및 Lowman *et al.*, *Biochemistry* 30, 10832- 10837 (1991) 참조) 및 항체 돌연변이 (예를 들어, US 특허 5, 648, 260, Kontermann and Dubel (2010), loc. cit. 및 Little(2009), loc. cit. 참조)를 포함한다.

[0050] 항체를 만드는 하나의 예시적인 방법은 단백질 발현 라이브러리 스크리닝, 예를 들어, 파지 또는 리보솜 디스플레이 라이브러리를 포함한다. 파지 디스플레이는, 예를 들어, Ladner *et al.*, U.S. Patent No.5,223,409; Smith (1985) *Science* 228:1315-1317; Clackson *et al.* (1991) *Nature*, 352: 624-628에서 기술된다.

[0051] 디스플레이 라이브러리의 이용에 더하여, 특정된 항원을 이용하여 비-인간 동물, 예를 들어, 설치류, 예를 들어, 마우스, 햄스터, 또는 랫트를 면역화할 수 있다. 한 구체예에서, 비-인간 동물은 적어도 인간 면역글로불린 유전자의 부분을 포함한다. 예를 들어, 인간 Ig loci의 큰 단편을 갖는 마우스 항체 제조에서, 마우스 스트레인 결합을 조작하는 것이 가능하다. 하이브리도마 기술을 이용하여, 목적한 특이성을 가지는 상기 유전자로부터 유래된 항원-특이적 단일클론 항체가 제조 및 선별될 수도 있다. 예를 들어, XENOMOUSE™ Green *et al.* (1994) *Nature Genetics* 7:13-21, US 2003- 0070185, WO 96/34096, 및 WO 96/33735 참조.



- [0052] 항체 또는 그의 단편은 또한 인간 T 세포 에피토프의 특이적 결실 또는 WO 98/52976 및 WO 00/34317에 기술된 방법에 의한 "탈면역화(deimmunization)"에 의하여 변형될 수도 있다. 요약하면, 항체의 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 MHC 클래스 II에 결합하는 펩티드에 대하여 분석될 수 있다; 이 펩티드는 가능한 T 세포 에피토프를 대표한다 (WO 98/52976 및 WO 00/34317에 정의된 것으로서). 가능한 T 세포 에피토프를 검출하기 위하여, "펩티드 스레딩(peptide threading)"이라 명명된 컴퓨터 모델링 접근법이 적용될 수 있고, 또한 WO 98/52976 및 WO 00/34317에 기술된 것으로서, VH 및 VL 서열에 존재하는 모티프에 대하여 인간 MHC 클래스 II 결합 펩티드의 데이터베이스를 찾아볼 수 있다. 이 모티프는 18개 주요 MHC 클래스 II DR 알로타입(allotypes)의 어떤 것에도 결합하고, 따라서 가능한 T 세포 에피토프를 구성한다. 검출된 가능한 T-세포 에피토프는 가변 도메인에서 적은 수의 아미노산 잔기의 치환에 의하여, 또는 바람직하게는, 단일 아미노산 치환에 의하여 제거될 수 있다. 전형적으로, 보존적 치환이 이루어진다. 전적으로는 아니지만, 자주, 인간 생식세포 항체 서열에서 위치가 공통되는 아미노산이 사용될 수도 있다. 인간 생식세포 서열은, 예를 들어, Tomlinson, *et al.* (1992) J. Mol. Biol. 227:776-798; Cook, G.P. *et al.* (1995) Immunol. Today Vol. 16 (5): 237-242; 및 Tomlinson *et al.* (1995) EMBO J. 14: 14:4628-4638에서 기술된다. V BASE 디렉터리는 인간 면역글로불린 가변 영역 서열의 종합적인 디렉터리를 제공한다 (Tomlinson, LA. *et al.* MRC Centre for Protein Engineering, Cambridge, UK에 따름). 이 서열은 인간 서열의 원천, 예를 들어, 프레임 워크 영역(framework region) 및 CDRs로서 사용될 수 있다. 또한, 예를 들어, US 특허 No. 6,300,064에 기술된 것으로서 공통 인간 프레임 워크 영역(framework region)이 사용될 수 있다.
- [0053] VH 및 VL의 쌍은 함께 단일 항원-결합하는 부위를 형성한다. VH에 가장 가까운 CH 도메인은 CH1로 표기된다. 각 L 사슬은 하나의 공유 이황화 결합에 의하여 H 사슬에 연결되고, 두 개의 H 사슬은 H 사슬의 이소타입(isotype)에 따라 하나 또는 그 이상의 이황화 결합에 의하여 서로 연결된다. 과가변 서열의 세 개의 영역에 대한 스케폴드를 형성하는 (상보성 결정 영역, CDRs) VH 및 VL 도메인은 프레임 워크 영역(framework region)이라 불리는 비교적 잘 보존되는 서열 네 개의 영역으로 구성된다(FR1, FR2, FR3, 및 FR4). CDRs는 항체가 항원과 특이적으로 상호작용하는데 역할을 하는 대부분의 잔기를 함유한다. CDRs는 CDR1, CDR2, 및 CDR3라고 한다. 따라서, 중쇄의 CDR 성분은 H1, H2, 및 H3라 하고, 경쇄의 CDR 성분은 L1, L2, 및 L3라고 한다.
- [0054] 용어 "가변(variable)"은 특정 항체의 특이성 및 결합 친화성을 결정하는 것과 관련이 있는 그들의 서열에서 가변성을 나타내는 면역글로불린 도메인의 일부분을 말한다 (즉, "가변 도메인(들)"). 가변성은 항체의 가변 도메인을 통하여 고르게 분배되지 않는다; 그것은 각 중쇄 및 경쇄 가변 영역의 서브-도메인에 집중된다. 이 서브-도메인은 "과가변(hypervariable)" 영역 또는 "상보성 결정 영역(complementarity determining region)" (CDRs)이라 한다. 가변 도메인의 더 잘 보존된 (즉, 비-과가변) 부분은 "프레임 워크(framework)" 영역 (FRM)이라 한다. 자연적으로 일어나는 중쇄 및 경쇄의 가변 도메인은 주로  $\beta$ -시트( $\beta$ -sheet) 형태인, 세 개의 과가변 영역에 의하여 연결된,  $\beta$ -시트 구조를 연결하는 루프를 형성하고, 몇몇 경우에 있어는 루프의 부분을 형성하는, 각각 네 개의 FRM 영역을 포함한다. 각 사슬에서 과가변 영역은, FRM 옆에 및 다른 사슬로부터의 과가변 영역과 함께, 아주 가깝게 서로 뭉쳐있고, 항원-결합 부위의 형성에 기여한다 (Kabat *et al.*, loc. cit. 참조). 불변 도메인은 항원 결합에 직접적으로 관련되지 않지만, 예를 들어, 항체-의존성, 세포-매개 세포독성 및 보체 활성화와 같은 다양한 효과기 기능을 나타낸다.
- [0055] 여기에서 사용되는 용어 "과가변 영역" (또한 "상보성 결정 영역" 또는 CDRs로서 알려짐)은 항원-결합 부위를 형성하는 면역글로불린의 V-영역 도메인 내에 있는 항체의 아미노산 잔기이고 (맨 끝 서열 가변성의 보통 세 개 또는 네 개의 짧은 영역) 항원 특이성의 주요 결정 인자이다. CDR 잔기를 확인하기 위한 적어도 두 개의 방법이 있다: (1) 중간-교차 서열 가변성에 기반한 접근법 (즉, Kabat *et al.*, loc. cit.); 및 (2) 항원-항체 복합체의 crystallographic 연구에 기반한 접근법 (Chothia, C. *et al.*, J. Mol. Biol. 196: 901-917 (1987)). 그러나, 두 개의 잔기 확인 기술은 동일한 영역이 아닌 중복되는 영역을 밝히므로, 그들은 하이브리드 CDR을 명확히 하기 위하여 조합될 수 있다. 그러나, 일반적으로, CDR 잔기는 바람직하게는 소위Kabat (넘버링) 시스템에 따라 확인된다.
- [0056] 여기에서 사용되는 경우, 용어 "항원-결합 도메인(antigen-binding domain)", "항원-결합 단편(antigen-binding fragment)" 및 "항체 결합 영역(antibody binding region)"은 항체 및 항원 사이의 특이적 결합을 하

도록 하는 아미노산을 포함하는 항체 분자의 부분이다. 항체에 의하여 특이적으로 인지되고 결합되는 항원의 부분을 위에서 기술한 바와 같이 "에피토프"라고 한다. 위에서 기술한 바와 같이, 항원-결합 도메인은 전형적으로 항체 경쇄 가변 영역 (VL) 및 항체 중쇄 가변 영역 (VH)을 포함할 수도 있다; 그러나, 양자를 모두 포함해야만 하는 것은 아니다. Fd 단편은, 예를 들어, 두 개의 VH 영역을 가지고 종종 온전한 항원-결합 도메인의 일부 항원-결합 기능을 유지한다. 항체의 항원-결합 단편의 예는 (1) Fab 단편, VL, VH, CL 및 CH1 도메인을 갖는 1가의 단편; (2) F(ab')<sub>2</sub> 단편, 힌지 영역에서 이황화 결합에 의하여 연결된 두 개의 Fab 단편을 가지는 2 개의 단편; (3) 두 개의 VH 및 CH1 도메인을 가지는 Fd 단편; (4) 항체의 단일 팔(single arm)의 VL 및 VH 도메인을 가지는 Fv 단편, (5) VH 도메인을 가지는 dAb 단편 (Ward *et al.*, (1989) Nature 341 :544-546); (6) 분리된 상보성 결정 영역(complementarity determining region, CDR), 및 (7) 단일 사슬 Fv (scFv)을 포함하고, 후자 (예를 들어, scFV-라이브러리로부터 유래된)가 바람직하다. Fv 단편의 두 개의 도메인, VL 및 VH는 별개의 유전자에 의하여 코딩되지만, 그들은 재조합 방법을 이용하여, VL 및 VH 영역이 쌍을 이루게 하여 1가의 분자(단일 사슬 Fv (scFv)로 알려짐; 참조 예를 들어, Huston *et al.* (1988) Proc. Natl. Acad. Sci USA 85:5879-5883)를 형성하여 그들을 단일 단백질 사슬로 만들 수 있는 합성 링커에 의하여 합쳐질 수 있다. 항체 단편들은 업계의 통상의 기술자에게 알려진 종래의 기술을 이용하여 얻어지고, 단편은 온전한 항체에서와 동일한 방식으로 기능이 평가된다.

[0057] 여기에서 사용된 것으로 용어 "단일클론 항체"는 실질적으로 균질한 항체의 집단으로부터 얻어지는 항체, 즉, 적은 양으로 존재할 수도 있는 자연적으로 일어날 수 있는 변이 및/또는 번역-후 변형(post- translation modification) (예를 들어, 이성화(isomerizations), 아미드화(amidations))을 제외하고, 동일한 집단을 포함하는 개별적인 항체이다. 단일클론 항체는 단일 항원성 부위에 대하여 지향되는, 매우 특이적이다. 또한, 다른 결정기(에피토프)에 대하여 지향되어 전형적으로 다른 항체를 포함하게 되는 종래의 (다클론) 항체 제제와는 달리, 각 단일클론 항체는 항원 상의 단일 결정기에 대하여 지향된다. 그들의 특이성에 더하여, 단일클론 항체는 하이브리도마 배양에 의하여 합성되고, 다른 면역글로불린에 의하여 오염되지 않는다는 점에서 유리하다. 수식어 "단일클론"은 실질적으로 균질한 항체의 집단으로부터 얻어진 것으로서의 항체의 특성을 가리키고 어느 특정 방법에 의한 항체의 제조가 필요한 것으로 해석되어서는 안된다. 예를 들어, 본 발명에 부합되게 사용되는 단일클론 항체는 Kohler *et al.*, Nature, 256: 495 (1975)에 의하여 처음 기술된 하이브리도마 방법에 의하여 만들어질 수도 있고, 또는 재조합 DNA 방법 (참조, 예를 들어, U.S. 특허 No.4,816,567)에 의하여 만들어질 수도 있다. "단일클론 항체"는 또한, 예를 들어 Clackson *et al.*, Nature, 352: 624-628 (1991) and Marks *et al.*, J. Mol. Biol., 222: 581-597 (1991)에서 기술된 기술을 이용하여, 파지 항체 라이브러리로부터 분리될 수도 있다.

[0058] 본 발명의 단일클론 항체는 구체적으로 특정 종으로부터 유래되거나 특정 항체 클래스 또는 서브클래스에 속하는 항체에서 상응하는 서열과 중쇄 및/또는 경쇄의 부분이 동일하거나 상동인 반면 나머지 사슬(들)은 다른 종으로부터 유래되거나 다른 항체 클래스 또는 서브클래스에 속하는 항체에서 상응하는 서열과 동일하거나 상동인 "키메릭" 항체 (면역글로불린) 및 목적된 생물학적 활성을 보이는 이와 같은 항체의 단편을 포함한다(U. S. 특허 No. 4,816, 567; Morrison *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 6851-6855 (1984)). 여기에서 흥미로운 키메릭 항체는 비-인간 영장류 (예를 들어, Old World Monkey, Ape 등)로부터 유래된 가변 도메인 항원-결합 서열 및 인간 불변 영역 서열을 포함하는 "영장화 (primitized)" 항체를 포함한다.

[0059] 비-인간 동물로부터 단일클론 항체가 얻어지고 나서, 변형될 수 있다. 예를 들어, 인간화된, 탈면역화된(deimmunized), 키메릭은 업계에서 알려진 재조합 DNA 기술을 이용하여 제조될 수도 있다. 키메릭 항체를 만드는 다양한 접근법이 기술되어 있다. 예를 들어, Morrison *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 81:6851, 1985; Takeda *et al.*, Nature 314:452, 1985, Cabilly *et al.*, U.S. Patent No. 4,816,567; Boss *et al.*, U.S. Patent No. 4,816,397; Tanaguchi *et al.*, EP 0171496; EP 0173494, GB 2177096 참조.

[0060] 비-인간 (예를 들어, 쥐) 항체의 "인간화된(humanized)" 형태는 비-인간 면역글로불린으로부터 유래된 최소의 서열을 함유하는, 대부분의 인간 서열의 키메릭 면역글로불린, 면역글로불린 사슬 또는 그의 단편 (Fv, Fab, Fab', F(ab')<sub>2</sub> 또는 항체의 다른 항원-결합 서브서열(subsequence)과 같은)이다. 대개, 인간화된 항체는 수령자의 과가변 영역 (또한 CDR)으로부터의 잔기가 목적인 특이성, 친화성 및 수용성을 가지는 마우스, 랫트 또는 토끼와 같은 비-인간 종의 과가변 영역으로부터 (공여자 항체)의 잔기로 교체된 인간 면역글로불린 (수령자 항체)이다. 몇몇 예에서, 인간 면역글로불린의 Fv 프레임 워크 영역 (framework region, FR) 잔기는 상응하는 비-인간 잔기 잔기로 교체된다. 또한, 여기에서 사용된 것으로 "인간화된 항체"는 또한 수령자 항체 및 공여자 항체에서 찾을 수 없는 잔기를 포함할 수도 있다. 이 변형들은 항체 수행력을 추가로 개선 및 최적화한다. 최적의

인간화된 항체는 또한 적어도 면역글로불린 불변 영역 (Fc)의 부분, 전형적으로 인간 면역글로불린의 그것을 포함할 것이다. 더욱 상세하게는, Jones *et al.*, Nature, 321: 522-525 (1986); Reichmann *et al.*, Nature, 332: 323-329 (1988); 및 Presta, Curr. Op. Struct. Biol., 2: 593-596 (1992) 참조.

[0061] 인간화된 항체는 예를 들어, 인간 중쇄 및 경쇄 유전자를 발현하지만, 내인성 마우스 면역글로불린 중쇄 및 경쇄 유전자를 발현할 수 없는 형질전환 마우스를 이용하여 또한 제조될 수도 있다. Winter는 인간화된 항체를 제조하는 데에 사용될 수도 있는 예시적인 CDR-그래프팅법을 기술한다 (U.S. 특허 No. 5,225,539). 특정 인간 항체의 모든 CDRs은 적어도 비-인간 CDR의 부분으로 교체될 수도 있고, 또는 오로지 몇몇의 CDRs은 비-인간 CDRs로 교체될 수도 있다. 미리 결정된(predetermined) 항원에 대한 인간화된 항체의 결합에 요구되는 CDRs의 수를 교체하는 것만이 필요하다.

[0062] 인간화된 항체 또는 그의 단편은 항원 결합과 직접적으로 관련되어 있지 않은 Fv 가변 도메인의 서열을 인간 Fv 가변 도메인으로부터의 동등한 서열과 교체함에 의하여 생성될 수 있다. 인간화된 항체 또는 그의 단편을 생성하는 예시적인 방법이 Morrison (1985) Science 229:1202-1207; by Oi *et al.* (1986) BioTechniques 4:214; 및 US 5,585,089; US 5,693,761; US 5,693,762; US 5,859,205; 및 US 6,407,213에 의하여 제공된다. 이 방법들은 적어도 하나의 중쇄 또는 경쇄로부터의 면역글로불린 Fv 가변 도메인의 전부 또는 부분을 인코딩하는 핵산 서열의 분리, 조작(manipulating), 및 발현을 포함한다. 이와 같은 핵산은 위에서 기술한 바와 같이, 미리결정된(predetermined) 표적에 대한 항체를 제조하는 하이브리도마로부터 얻어질 수도 있고, 다른 원천으로부터 얻어질 수도 있다. 그리고 나서, 인간화된 항체 분자를 인코딩하는 재조합 DNA가 적절한 발현 벡터로 클로닝될 수 있다.

[0063] 인간화된 항체는 보존적 치환, 공통 서열 치환, 생식세포 치환 및/또는 역 돌연변이(back mutation)의 도입에 의하여 최적화될 수 있다. 이와 같은 변경된 면역글로불린 분자는 업계에서 알려진 여러 기술중 어느 하나에 의해 만들어질 수 있고(예를 들어, Teng *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 80: 7308-7312, 1983; Kozbor *et al.*, Immunology Today, 4: 7279, 1983; Olsson *et al.*, Meth. Enzymol., 92: 3-16, 1982), EP 239 400에서 개시된 바에 따라 만들어질 수도 있다.

[0064] 용어 "인간 항체(human antibody)"는 예를 들어, Kabat *et al.* (Kabat *et al.* (1991) loc. cit. 참조)에 의하여 기술된 것을 포함하는, 업계에서 알려진 인간 생식세포 면역글로불린 서열에 실질적으로 상응하는 가변 및 불변 영역을 가지는 항체를 포함한다. 본 발명의 인간 항체는 예를 들어 CDRs, 특히, CDR3에서, 인간 생식세포 면역글로불린 서열에 의하여 코딩되지 않는 아미노산 잔기(예를 들어, 인 비트로에서 무작위 또는 부위-특이적 돌연변이유발에 의하여 또는 인 비트로에서 체세포 변이에 의하여 도입된 변이)를 포함할 수도 있다. 인간 항체는 인간 생식세포 면역글로불린 서열에 의하여 코딩되지 않는 아미노산 잔기로 교체된 적어도 하나, 둘, 셋, 넷, 다섯, 또는 그 이상의 자리를 가질 수 있다.

[0065] 여기에서 사용된 것으로, "인 비트로에서 생성된 항체(in vitro generated antibody)"는 가변 영역 (예를 들어, 적어도 하나의 CDR)의 전부 또는 부분이 비-면역 세포 집합에서 생성되는 항체이다 (예를 들어, 인 비트로 파지 디스플레이, 단백질 칩 또는 항원에 결합하는 후보 서열의 능력이 시험될 수 있는 어떤 다른 방법). 이 용어는 따라서 바람직하게는 면역 세포에서 유전자 재배열에 의하여 생성되는 서열을 제외한다.

[0066] "이중특이적(bispecific)" 또는 "이중기능성(bifunctional)" 항체 또는 면역글로불린은 두 개의 다른 중쇄/경쇄 쌍 및 두 개의 다른 결합 부위를 가지는 인공의 하이브리드 항체 또는 면역글로불린이다. 이중특이적 항체는 하이브리도마의 융합 또는 Fab' 단편의 연결을 포함하는 다양한 방법에 의하여 제조될 수 있다. 예를 들어, Songsivilai & Lachmann, Clin. Exp. Immunol. 79:315-321 (1990) 참조. 항체 또는 그의 항원-결합 단편을 얻기 위하여 업계의 통상의 기술자에게 알려진 많은 방법이 이용가능하다. 예를 들어, 항체는 재조합 DNA 방법을 이용하여 제조될 수 있다 (U.S. 특허 No.4,816,567). 단일클론 항체는 또한 알려진 방법과 부합되는 하이브리도마의 생성에 의하여 제조될 수도 있다 (예를 들어, Kohler and Milstein (1975) Nature, 256: 495-499 참조). 그런 다음 이 방식으로 형성된 하이브리도마를 효소-결합 면역흡착 어세이 (ELISA) 및 표면 플라즈몬 공명 (BIAcore™ 분석과 같은 표준 방법을 이용하여 스크리닝하여, 특정된 항원에 특이적으로 결합하는 항체를 제조하는 하나 또는 그 이상의 하이브리도마를 동정할 수 있다. 특정된 어느 항원이 면역원(immunogen), 예를 들어,

재조합 항원, 자연적으로 일어나는 형태, 어떠한 변이체 또는 그의 단편 및 그의 항원성 펩티드로서 사용된다.

- [0067] 용어 "CDR", 및 그의 복수형태 "CDRs"은, 세 개 (CDRL1, CDRL2 및 CDRL3)가 의 경계 가변 영역의 결합 특성을 구성하고 세 개 (CDRH1, CDRH2 및 CDRH3)가 의 중쇄 가변 영역의 결합 특성을 구성하는 상보성 결정 영역 (CDR)을 말한다. CDRs은 항체 분자의 기능적 활성화에 기여하고 스캐폴딩 또는 프레임 워크 영역(framework region)을 포함하는 아미노산 서열에 의해 분리된다. 명확하게 정의되는 CDR 경계 및 길이는 다른 분류 및 넘버링 시스템이 적용된다. CDRs은 따라서 Kabat, Chothia, contact, 또는, 여기에서 기술되는 넘버링 시스템을 포함하는 다른 어떠한 경계 정의에 의하여 분리될 수도 있다. 다른 경계에도 불구하고, 이 시스템들 각각은 가변 서열 내의 "과가변 영역"이라 불리는 구성에서 어떤 겹치는 부분을 가진다. 따라서 인접한 프레임 워크 영역(framework region)에 관하여 이 시스템들에 따른 CDR 정의는 길이 및 경계 면적에서 다를 수도 있다. 예를 들어 Kabat, Chothia, 및/또는 MacCallum (Kabat *et al.*, loc. cit.; Chothia *et al.*, J. Mol. Biol, 1987, 196: 901; 및 MacCallum *et al.*, J. Mol. Biol, 1996, 262: 732) 참조. 그러나, 소위 Kabat 시스템에 따른 넘버링이 바람직하다.
- [0068] 전형적으로, CDRs은 정규 구조로서 분류될 수 있는 루프 구조를 형성한다. 용어 "정규 구조(canonical structure)"는 항원 결합 (CDR) 루프에 의해 채택되는 주 사슬 입체 형태이다. 비교 구조 연구로부터, 여섯 개 중 다섯 개의 항원 결합 루프만이 가능한 입체 형태의 제한된 레퍼토리를 갖음이 밝혀졌다. 각 정규 구조는 폴리펩티드 백본의 비틀림 각(torsion angles)을 특징으로 할 수 있다. 항체 사이에 상응하는 루프는, 따라서, 루프의 대부분에서 높은 아미노산 서열 가변성에도 불구하고, 매우 유사한 3차원 구조를 가질 수도 있다(Chothia and Lesk, J. Mol. Biol., 1987, 196: 901; Chothia *et al.*, Nature, 1989, 342: 877; Martin and Thornton, J. Mol. Biol, 1996, 263: 800, 각 문헌은 참조로써 전체로서 참고된다). 또한, 채택된 루프 구조 및 그 주변의 아미노산 서열 사이에는 관련성이 있다. 특정 정규 클래스의 입체 형태는 루프의 길이 및 보존되는 프레임 워크 (즉, 루프의 외부)와 루프 내에서 중요한 위치에 있는 아미노산 잔기에 의하여 결정된다. 특정 정규 클래스의 배치는 따라서 이 중요 아미노산 잔기의 존재에 기반하여 이루어질 수 있다. 용어 "정규 구조"는 또한 예를 들어, Kabat에 의하여 목록으로 만들어진 것으로서 (Kabat *et al.*, loc. cit.), 항체의 선형 서열에 관한 고찰을 포함할 수도 있다. Kabat 넘버링 제도(scheme(시스템))는 일관된 방식에서 항체의 가변 도메인의 아미노산 잔기를 넘버링 하기 위한 표준으로 다양하게 채택되고 또한 여기에서 언급된 것으로서 본 발명에 적용되는 바람직한 제도(scheme)이다. 추가의 구조적인 고찰이 항체의 정규 구조를 결정하는데 또한 이용될 수 있다. 예를 들어, Kabat 넘버링에 의하여 완전히 반영되지 않는 차이들이 Chothia *et al.*의 넘버링 시스템 및/또는 관련된 다른 기술, 예를 들어, crysTALlography 및 2 또는 3-차원 컴퓨터 모델링에 의하여, 설명될 수 있다. 이에 따라, 주어진 항체 서열이 다른 것들 중에서, 적절한 새시 서열(chassis sequence) (예를 들어, 라이브리리에서 정규 구조의 다양성을 포함하고자 하는 바람에 기반한) 의 확인을 가능하게 하는 정규 클래스에 놓여질 수도 있다. 항체 아미노산 서열의 Kabat 넘버링 및 Chothia *et al.*, loc. cit.에 의하여 기술된 구조적 고찰 및 항체 구조의 정규적 측면을 이해하기 위한 그들의 암시가 문헌에 기술된다.
- [0069] CDR3는 전형적으로 항체-결합 부위 내에서 분자 다양성(molecular diversity)의 가장 좋은 원천이다. 예를 들어, H3는, 아미노산 잔기 두 개만큼 짧거나 또는 26개 아미노산 보다 길 수 있다. 면역글로불린의 다른 클래스의 서브유닛 구조 및 3-차원 형태는 업계에서 잘 알려져 있다. 항체 구조를 검토하기 위하여, 항체: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, eds. Harlow *et al.*, 1988 참조. 업계의 통상의 기술자는 각 서브유닛 구조, 예를 들어, CH, VH, CL, VL, CDR, FR 구조가, 활성 단편, 예를 들어, 항원에 결합하는 VH, VL, 또는 CDR 서브유닛의 부분, 즉, 항원-결합 단편, 또는, 예를 들어 Fc 수용체 및/또는 보체에(를) 결합하고/하거나 활성화하는, 예를 들어, CH 서브유닛의 부분을 포함한다는 것을 인지할 것이다. Sequenc of Protein of immunological Interest, US Department of Health and Human Services (1991), eds. Kabat *et al.*에 기술된 것으로서, CDRs은 전형적으로 Kabat CDRs이다. Chothia에 의하여 기술된 것으로서, 항원 결합 부위를 특징짓는 다른 표준은 과가변 루프이다. 예를 들어, Chothia, *et al.* (1987; J. Mol. Biol. 227:799-817); 및 Tomlinson *et al.* (1995) EMBO J. 14: 4628-4638 참조. Oxford Molecular's AbM antibody modeling software 에 의하여 이용된 또 다른 표준은 AbM 정의이다. 예를 들어, 일반적으로, 항체 가변 도메인의 단백질 서열 및 구조 분석(Protein Sequence and Structure Analysis of Antibody Variable Domains). In: Antibody Engineering Lab Manual (Ed.: Duebel, S. 및 Kontermann, R., Springer-Verlag, Heidelberg) 참조. Kabat CDRs에 관하여 기술된 예들은 유사하게 기술되는 Chothia 과가변 루프 또는 AbM-정의된 루프에 관한 관련성을 이용하여 대신하여 시행될 수 있다.



- [0070] 조립 및 체세포 변이 후, 항체 유전자의 서열은 많이 달라지고 이 달라진 유전자들이  $10^{10}$  개의 다른 항체 분자를 인코딩하는 것으로 예상된다 (Immunoglobulin Genes, 2<sup>nd</sup> ed., eds. Jonio et al., Academic Press, San Diego, CA, 1995). 따라서, 면역 시스템은 면역글로불린의 레퍼토리를 제공한다. 용어 "레퍼토리(repertoire)"는 적어도 하나의 면역글로불린을 인코딩하는 적어도 하나의 서열로부터 전체 또는 부분적으로 유래된 적어도 하나의 뉴클레오타이드 서열이다. 서열(들)은 중쇄의 V, D, 및 J 세그먼트, 및 경쇄의 V 및 J 세그먼트의 인 비보 재정렬에 의하여 생성될 수도 있다. 이에 대신하여, 서열(들)은 재정렬이 일어나는 것에 대한 반응, 예를 들어, 인 비트로 자극에 대한 반응으로 세포로부터 생성될 수 있다. 이에 대신하여, 서열(들)의 전부 또는 부분은 DNA 스플라이싱, 뉴클레오타이드 합성, 돌연변이유발, 및 다른 방법에 의하여 얻어질 수도 있다, 예를 들어, U.S. 특허 5,565,332 참조. 레퍼토리는 오직 하나의 서열만을 포함할 수도 있고 또는 유전적으로 다양한 모집에서의 하나 이상을 포함하는 복수의 서열을 포함할 수도 있다.
- [0071] 용어 "프레임 워크 영역(framework region)"은 많이 다른 (즉, 과가변) CDRs 사이에 존재하는 항체 가변 영역의 당업계-인지된 일부분이다. 이와 같은 프레임 워크 영역은 전형적으로 프레임 워크 1 내지4 (FR1, FR2, FR3, 및 FR4)로서 불리고 3차원 공간에서 여섯 개의 CDRs (중쇄로 부터 세 개 및 경쇄로부터 세 개)의 체시를 위한 스캐폴드를 제공하여, 항원-결합 표면을 형성한다.
- [0072] 본 발명의 결합 분자는 바람직하게는 "단리된" 결합 분자이다. 여기에서 개시한 결합 분자를 기술하기 위해 사용될 때 "단리된"은 그의 생산 환경의 성분으로부터 확인, 분리 및/또는 회수된 결합 분자를 의미한다. 바람직하게는, 단리된 결합 분자는 그의 생산 환경으로부터 모든 다른 성분과의 연계가 없다. 제조합 형질감염 세포로부터 생성되는 것과 같은, 그의 생산 환경의 오염 성분은 폴리펩타이드에 대한 진단 또는 치료 용도를 전형적으로 간섭할 수 있는 물질이며, 이는 효소, 호르몬 및 기타 단백질 또는 비단백질성 용질을 포함할 수 있다. 바람직한 구체예에서, 결합 물질은 (1) 회전 컵 배열결정장치(spinning cup sequenator)의 사용에 의해 N-말단 또는 내부의 아미노산 서열의 적어도 15개의 잔기를 얻기에 충분한 정도로, 또는 (2) 쿠마시 블루 또는, 바람직하게는, 실버 염색을 이용하여 비환원 또는 환원 조건 하에서 SDS-PAGE에 의해 균질하게 정제될 것이다. 그러나, 보통, 단리된 항체는 적어도 한번의 정제 과정에 의해 제조될 것이다.
- [0073] 여기에서 기술된 결합 분자의 아미노산 서열 변형이 고려된다. 예를 들어, 항체의 결합 친화도 및/또는 기타 생물학적 특성을 향상시키기 위해 필요로 할 수 있을 것이다. 결합 분자의 아미노산 서열 변이체는 적당한 뉴클레오타이드 변화를 결합 분자 핵산 서열에 도입하거나 펩타이드 합성에 의해 제조할 수 있다.
- [0074] 그러한 변형은, 예를 들어, 결합 분자의 아미노산 서열 내의 잔기의 결실, 및/또는 삽입, 및/또는 치환을 포함한다. 결실, 부가 및 치환의 임의의 조합이 최종 구성물에 도달하도록 만들며, 최종 구성물이 원하는 특성을 소유하도록 한다. 아미노산 변화는 또한 글리코실화 부위의 수 또는 위치를 변경하는 것과 같이 번역 후 과정을 달라지게 할 수 있을 것이다. 바람직하게는 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10개의 아미노산 서열이 CDR 내에서 치환될 수 있을 것이고, 반면 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 또는 25개의 아미노산이 프레임워크 영역(FRs)에서 치환될 수 있을 것이다. 상기 치환은 바람직하게는 여기에서 기술된 보존적 치환이다. 추가적으로 또는 대신하여, 각각의 CDRs에서 1, 2, 3, 4, 5, 또는 6개의 아미노산 서열이 삽입 또는 결실될 수 있고(물론, 그들의 길이에 따라), 반면 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 또는 25개의 아미노산이 각각의 FRs에서 삽입 또는 결실될 수 있다.
- [0075] 돌연변이화를 위한 바람직한 위치인 결합 분자의 특정 잔기 또는 영역의 확인을 위한 유용한 방법은 Cunningham and Wells in Science, 244: 1081-1085 (1989)에 의해 기술된 소위 "알라닌 스캐닝 돌연변이화(alanine scanning mutagenesis)"이다. 여기에서, 결합 분자 내의 잔기 또는 표적 잔기의 그룹이 확인되고(예컨대, arg, asp, his, lys, 및 glu와 같은 하전된 잔기) 중성 또는 음하전의 아미노산(가장 바람직하게는 알라닌 또는 폴리알라닌)에 의해 대체되어 아미노산과 에피토프와의 상호작용에 영향을 미치게 된다.
- [0076] 그런 다음 치환에 대한 기능적 민감성을 증명하는 이들 아미노산 위치를 치환의 위치에 추가의 또는 다른 변이를 도입함으로써 정리한다. 따라서, 아미노산 서열 변이를 도입하기 위한 부위는 예정된 반면, 돌연변이의 본질 그 자체는 예정될 필요가 없다. 예를 들어, 주어진 부위에 돌연변이의 수행을 분석하기 위해, 알라닌 스캐닝 또

는 랜덤 돌연변이화가 표적 코돈 또는 영역에서 수행되며 발현된 결합 분자 변이체는 원하는 활성에 대해 스크리닝 된다.

[0077] 바람직하게는, 아미노산 서열 삽입은 단일 또는 다수의 아미노산 잔기의 서열내 삽입 뿐만 아니라 100개 이상의 잔기를 함유하는 폴리펩타이드에 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10 개의 잔기의 길이 범위의 아미노- 및/또는 카복실-말단 융합을 포함한다. 결합 분자의 삽입 변이체는 효소에 대한 항체의 N- 또는 C-말단에서의 융합 또는 항체의 혈청 반감기를 증가시키는 폴리펩타이드에 대한 융합을 포함한다.

[0078] 다른 유형의 변이체는 아미노산 치환 변이체이다. 이들 변이체는 바람직하게는 결합 분자 내에서 다른 잔기에 의해 대체되는, 바람직하게는 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10개의 아미노산 잔기를 갖는다. 치환적 돌연변이화를 위한 가장 관심있는 부위는 중쇄 및/또는 경쇄, 특히 과가변 영역의 CDRs을 포함하나, 중쇄 및/또는 경쇄 내 FR 변화 또한 고려된다.

[0079] 예를 들어, CDR 서열이 6개의 아미노산을 포함하는 경우, 이들 아미노산 중 하나, 둘 또는 세 개가 치환된다. 유사하게, CDR 서열이 15개의 아미노산을 포함하는 경우 이들 아미노산 중 하나, 둘, 셋, 넷, 다섯 또는 여섯 개가 치환된다.

[0080] 일반적으로, 중쇄 및/또는 경쇄의 하나 이상의 또는 모든 CDR에서 아미노산들이 치환되는 경우, 얻어진 "치환된" 서열은 "본래의" CDR 서열에 대해 적어도 60%, 더욱 바람직하게는 65%, 매우 더욱 바람직하게는 70%, 특히 바람직하게는 75%, 더욱 특히 바람직하게는 80% 동일성을 갖는 것이 바람직하다. 이는 "치환된" 서열에 대해 동일한 정도가 CDR의 길이에 의존적임을 의미한다. 예를 들어, 5개의 아미노산을 갖는 CDR은 치환된 적어도 하나의 아미노산을 갖기 위해서는 그의 치환된 서열에 대해 바람직하게는 80% 동일하다. 따라서, 결합 분자의 CDR은 그들의 치환된 서열에 대한 동일성의 상이한 정도를 가질 수 있으며, 예를 들어, CDRL1은 80%를 가질 수 있는 반면 CDRL3은 90%를 가질 수 있다.

[0081] 바람직한 치환(또는 대체)은 보존적 치환이다. 그러나, 결합 분자가 제1 결합 도메인을 통해 BCMA에 그리고 제2 결합 도메인을 통해 CD3 엡실론에 결합하는 그의 능력을 유지하고/거나 그의 CDRs이 치환된 서열에 대해 동일성 ("본래의" CDR 서열에 대해 적어도 60%, 더욱 바람직하게는 65%, 매우 더욱 바람직하게는 70%, 특히 바람직하게는 75%, 더욱 특히 바람직하게는 80% 동일성)을 갖는 한, 임의의 치환(비보존적 치환 또는 표 1에 나열된 "예시적인 치환" 중 하나 이상을 포함)이 고려된다.

[0082] 보존적 치환은 "바람직한 치환"이라는 제목 하에 표 1에 나타난다. 그러한 치환이 생물학적 활성에서의 변화를 일으키는 경우, 표 1에서 "예시적인 치환"으로 지칭한 또는 아미노산 클래스에 대해 참고로 하기 추가로 기술된 보다 실질적인 변화가 도입될 수 있으며 원하는 특성에 대한 산물이 스크리닝된다.

표 1: 아미노산 치환

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

[0083]

[0084]

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

[0085]

비보존적 치환은 다른 클래스에 대한 이들 클래스 중 하나의 일원을 교환하는 것을 수반할 것이다. 결합 분자의 적절한 구조를 유지하는데 관여하지 않는 임의의 시스테인 잔기는, 일반적으로 세린으로, 치환되어, 분자의 산화적 안정성을 개선하고 비정상적인 교차결합을 예방할 수 있다. 역으로, 시스테인 결합을 항체에 추가하여 그의 안정성을 개선시킬 수도 있다(특히 항체가 Fv 단편과 같은 항체 단편인 경우).

[0086]

치환 변이체의 특히 바람직한 유형은 모 항체의 하나 이상의 과가변 영역 잔기를 치환하는 것을 포함한다(예컨대, 인간화 또는 인간 항체). 일반적으로, 추가의 개발을 위해 선택된 생성된 변이체는 그들이 생성된 모 항체에 상대적으로 개선된 생물학적 특성을 가질 것이다. 그러한 치환 변이체를 생성하기 위한 편리한 방법은 파지 디스플레이를 이용한 친화도 성숙(affinity maturation)을 포함한다. 요약하면, 여러 과가변 영역 부위(예컨대, 6-7 부위)가 변이되어 각각의 부위에서 모든 가능한 아미노산 치환을 생성한다. 그에 따라 생성된 항체 변이체는 각각의 입자 내에 패키징된 M13의 유전자 III 산물에 융합으로서 사상 파지 입자(filamentous phage particles)로부터 일가 방식(monovalent fashion)으로 디스플레이된다. 파지-디스플레이된 변이체는 그런 다음 여기에서 기술된 바와 같이 그들의 생물학적 활성(예컨대, 결합 친화도)에 대해 스크리닝된다. 변형을 위한 후보 과가변 영역 부위를 확인하기 위해, 알려진 스캐닝 돌연변이화를 수행하여 항원 결합에 중대하게 기여하는 과가변 영역 잔기를 확인할 수 있다. 대신하여, 또는 추가로, 항원-항체 복합체의 결정 구조를 분석하여 결합 도메인 및 예컨대, 인간 BCMA 간의 접촉 포인트를 확인하는 것이 유리할 수 있다. 그러한 접촉 잔기 및 주변 잔기는 여기에서 상술하나 기술에 따른 치환에 대한 후보들이다. 그러한 변이체들이 생성될 때, 변이체의 패널을 여기에서 기술한 바와 같이 스크리닝되게 하고, 하나 이상의 연관 어세이에서 우수한 특성을 갖는 항체들을 추가의 개발을 위해 선택할 수 있다.

- [0087] 결합 분자의 또 다른 변형이 여기에서 고려된다. 예를 들어, 결합 분자는 다양한 비단백질성 폴리머, 예컨대, 폴리에틸렌 글리콜, 폴리프로필렌 글리콜, 폴리옥시알킬렌 또는 폴리에틸렌 글리콜 및 폴리프로필렌 글리콜의 코폴리머 중 하나와 연결될 수 있다. 결합 분자는 또한 예를 들어 코아세르베이션 기술 또는 계면 폴리머화에 의해 제조된 마이크로캡슐(예를 들어, 하이드록시메틸셀룰로오스 또는 젤라틴-마이크로캡슐 및 폴리(메틸메타아크릴레이트) 마이크로캡슐, 각각)로, 콜로이드 약물 전달 시스템(예를 들어, 리포솜, 알부민 마이크로스피어, 마이크로에멀전, 나노입자 및 나노캡슐), 또는 마크로에멀전 내에 포집될 수 있다. 그러한 기술들은 Remington's Pharmaceutical Sciences, 16th edition, Oslo, A., Ed., (1980)에서 기술된다.
- [0088] 여기에서 개시된 결합 분자는 또한 면역-리포솜으로 제제화될 수 있다. "리포솜"은 포유동물에 약물을 전달하기에 유용한, 다양한 유형의 지질, 인지질 및/또는 계면활성제로 이루어진 소포이다. 리포솜의 성분은 통상 이중 층 형성 내에 존재하여, 생물학적 막의 지질 배열과 유사하다. 항체를 함유하는 리포솜은 다음과 같이 당업계에 알려진 방법에 의해 제조된다: Epstein *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82: 3688 (1985); Hwang *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77: 4030 (1980); US Pat. Nos. 4,485,045 및 4,544,545; 및 1997년 10월 23일 공개된 W0 97/38731). 향상된 순환 시간을 갖는 리포솜이 US 특허 번호 5,013,556에 개시되어 있다. 특히 유용한 리포솜은 포스파티딜콜린, 콜레스테롤 및 PEG-유도화된 포스파티딜에탄올아민(PEG-PE)을 포함하는 지질 조성물로 역상 증발법에 의해 생성될 수 있다. 리포솜은 정해진 기공 크기의 필터를 통해 밀어내어 원하는 직경을 갖는 리포솜을 수득한다. 본 발명의 항체의 Fab'단편은 다이설파이드 교환 반응을 통해 Martin *et al.* J. Biol. Chem. 257: 286-288 (1982) 에 기술된 바와 같이 리포솜에 컨쥬게이션될 수 있다. 화학요법제는 선택적으로 리포솜 내에 함유된다. Gabizon *et al.* J. National Cancer Inst. 81 (19) 1484 (1989) 참조.
- [0089] 재조합 기술을 이용할 때, 결합 분자는 세포 내에서, 주변세포질 공간 내에서 생산되거나, 또는 배지로 직접 분비될 수 있다. 첫 번째 단계로서, 결합 분자가 세포내에서 생산되는 경우, 첫 번째 단계로서, 침전물 찌꺼기, 숙주 세포 또는 용해된 단편들이, 예를 들어, 원심분리 또는 초미세여과에 의해 제거된다. Carter *et al.*, Bio/Technology 10: 163-167 (1992)는 *E. coli*의 주변세포질 공간 내로 분비되는 항체들을 분리하는 과정을 기술한다.
- [0090] 세포로부터 제조된 결합 분자 조성물은 예를 들어, 하이드록시아파타이트 크로마토그래피, 겔 전기영동, 투석 및 친화성 크로마토그래피를 이용하여 정제될 수 있으며, 친화성 크로마토그래피가 바람직한 정제 기술이다.
- [0091] 추가적 양태에서, 본 발명은 본 발명의 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열에 관한 것이다. 용어 "핵산"은 당업자에게 잘 알려져 있으며, DNA (cDNA와 같은) 및 RNA (mRNA와 같은)를 포괄한다. 핵산은 이중가닥 및 단일가닥, 선형 및 원형일 수 있다. 상기 핵산 분자는 바람직하게는 숙주 세포 내에 바람직하게는 포함되는 벡터 내로 바람직하게는 포함된다. 상기 숙주 세포는 본 발명의 핵산 서열로 예컨대 형질 전환 또는 형질감염 후, 결합 분자를 발현할 수 있다. 그러한 목적을 위해 핵산 분자는 조절 서열과 작동가능하게 연결된다.
- [0092] 벡터는 (외래의) 유전 물질을 세포 내로 이동시키는 비히클로서 사용되는 핵산 물질이다. 용어 "벡터"는 - 이에 제한되는 것은 아니나 - 플라스미드, 바이러스, 코스미드 및 인공 크로모솜을 포괄한다. 일반적으로, 조작된 벡터는 복제 오리진, 멀티클로닝 부위 및 선별 마커를 포함한다. 벡터 그 자체는 일반적으로 뉴클레오타이드 서열, 통상적으로 aDNA 서열이며, 이는 삽입(전이유전자) 및 벡터의 "백본"으로서 제공되는 더 큰 서열을 포함한다. 최근의 벡터는 전이유전자 삽입물 및 백본 이외에 추가의 특성을 포함한다: 프로모터, 유전적 마커, 항생 물질 저항성, 리포터 유전자, 타겟팅 서열, 단백질 정제 태그. 특히 발현 벡터(발현 구조체)로 불리는 벡터는 표적 세포 내에서 전이유전자의 발현을 위한 것이고, 일반적으로 전이유전자의 발현을 유도하는 프로모터 서열과 같은 조절 서열을 갖는다. 벡터의 표적 세포 내로의 삽입은 대개 박테리아 세포에 대해서는 "형질전환", 진핵세포에 대해서는 "형질감염"으로 지칭하나, 바이러스 벡터의 삽입은 또한 "형질도입"으로 지칭한다.
- [0093] 여기에서 사용된, 용어 "숙주 세포"는 본 발명의 결합 분자를 코딩하는 핵산이 형질전환, 형질감염 등의 방법에 의해 도입되는 세포를 말하는 것으로 의도된다. 그러한 용어는 특정 대상 세포뿐만 아니라 그러한 세포의 자손



또는 잠재적 자손도 말하는 것으로 이해해야 할 것이다. 특정 변형이 돌연변이 또는 환경적 영향으로 인해 후손에서 발생할 수 있기 때문에, 그러한 자손은 사실 모세포와 동일한 것은 아닐 수 있지만 여기에서 사용된 용어의 범위 내에 여전히 포함된다.

[0094] 여기에서 사용된, 용어 "발현"은 이에 제한되는 것은 아니나, 전사, 전사 후 변형, 번역, 번역 후 변형, 및 분비를 포함하는, 본 발명의 결합 분자의 생산에 관여하는 임의의 단계를 포함한다.

[0095] 용어 "조절 서열"은 특정 숙주 생물체에서 작동가능하게 연결될 코딩 서열의 발현을 위해 필요한 DNA 서열을 말한다. 원핵세포에 적합한 조절 서열은, 예를 들면, 프로모터, 선택적으로는 오퍼레이터 서열, 및 리보솜 결합 부위를 포함한다. 진핵 세포는 프로모터, 폴리아데닐화 신호, 및 인핸서를 이용하는 것으로 알려져 있다.

[0096] 핵산이 다른 핵산 서열과 기능적 관계에 놓여 있을 때 "작동가능하게 연결" 된다. 예를 들어, 전구서열 또는 분비 리더에 대한 DNA는 폴리펩타이드의 분비에 참여하는 전구단백질로서 발현되는 경우 폴리펩타이드에 대한 DNA에 작동가능하게 연결되며; 프로모터 또는 인핸서는 서열의 전사에 영향을 미치는 경우 코딩 서열에 작동가능하게 연결되고; 또는 리보솜 결합 부위는 번역을 촉진시키기 위해 그것이 위치할 경우 코딩 서열에 작동가능하게 연결된다. 일반적으로, "작동가능하게 연결된"은 연결된 DNA 서열들이 분비 리더의 경우에는 인접하고, 리더 단계에서 인접하다. 그러나, 인핸서는 인접해야만 하지 않는다. 연결은 간편한 제한 부위에서의 라이게이션에 의해 수행된다. 그러한 부위가 존재하지 않는 경우, 합성 올리고뉴클레오타이드 어댑터 또는 링커가 관계에 따라 사용된다.

[0097] 용어 "숙주 세포", "표적 세포" 또는 "수령 세포(recipient cell)"는 외생적 핵산 분자, 폴리뉴클레오타이드 및/또는 단백질의 도입 또는 벡터에 대한 수령자가 되었거나 될 수 있는 임의의 개개의 세포 또는 세포 배양물을 포함하는 것으로 의도된다. 또한 단일 세포의 자손을 포함하는 것으로 의도되며, 자손은 자연적, 우연적, 또는 의도적 돌연변이로 인해 본연의 모세포에 필수적으로 완전히 동일하지 않을 수 있다(형태적으로 또는 유전적 또는 전체 DNA 보관물에서). 세포들은 원핵세포성 또는 진핵세포성일 수 있으며, 이에 제한되는 것은 아니나, 박테리아 세포, 효모 세포, 동물 세포 및 포유동물 세포, 예컨대, 뮌린, 랫트, 마카크 또는 인간을 포함한다.

[0098] 적합한 숙주 세포는 효모, 곰팡이, 곤충 세포 및 포유동물 세포를 포함한 진핵세포 및 원핵세포를 포함한다.

[0099] 본 발명의 결합 분자는 박테리아에서 생산될 수 있다. 본 발명의 결합 분자의 발현 후, 바람직하게는 결합 분자는 가용 분획 내 *E. coli* 세포 페이스트로부터 단리되고, 예컨대, 친화성 크로마토그래피 및/또는 크기 배제를 통해 정제될 수 있다. 최종 정제는, 예컨대, CHO 세포에서 발현된 항체를 정제하는 방법과 유사하게 수행될 수 있다.

[0100] 원핵세포뿐만 아니라, 사상 진균 또는 효모와 같은 진핵성 미생물은 본 발명의 결합 분자에 대한 적합한 클로닝 또는 발현 숙주이다. *Saccharomyces cerevisiae* 또는 통상의 제빵 효모는 하급 진핵성 숙주 생물체 중에서 가장 흔히 사용된다. 그러나, *Schizosaccharomyces pombe*, *Kluyveromyces* 숙주(예컨대, *K. lactis*, *K. fragilis* (ATCC 12424), *K. bulgaricus* (ATCC 16045), *K. wickerhamii* (ATCC 24178), *K. waltii* (ATCC 56500), *K. drosophilum* (ATCC 36906), *K. thermotolerans*, 및 *K. marxianus*); *Yarrowia* (EP 402 226); *Pichia pastoris* (EP 183 070); *Candida*; *Trichoderma reesia* (EP 244 234); *Neurospora crassa*; *Schwanniomyces* (예컨대, *Schwanniomyces occidentalis*); 및 예컨대, *Neurospora*, *Penicillium*, *Tolypocladium*, 및 *Aspergillus* 숙주(예컨대, *A. nidulans* and *A. niger*.)와 같은 사상 진균과 같은 다양한 다른 속, 종 및 균주가 통상적으로 입수가 가능하고 여기에서 유용하다.

[0101] 본 발명의 글리코실화된 결합 분자, 바람직하게는 항체 유래 결합 분자의 발현을 위한 적합한 숙주 세포는 다세포

포 생물체로부터 유래한 것이다. 무척추 세포의 예는 식물 및 동물 세포를 포함한다. 수많은 배칼로바이러스 균주 및 변이체 그리고 상응하는 *Spodoptera frugiperda* (애벌레), *Aedes aegypti* (모기), *Aedes albopictus* (모기), *Drosophila melanogaster* (초파리), 및 *Bombyx mori* 와 같은 숙주로부터의 상응하는 허용가능한 동물 숙주 세포가 확인되었다. 형질감염을 위한 다양한 바이러스 균주들은 공중에서 입수가 가능하며, 예컨대, *Autographa californica* NPV의 L-1 변이체 및 *Bombyx mori* NPV의 Bm-5 균주, 그리고 그러한 바이러스들은 본 발명에 따른 여기에서의 바이러스로서, 특히 *Spodoptera frugiperda* 세포의 형질감염을 위해 사용될 수 있다.

[0102] 목화, 옥수수, 감자, 대두, 페튜니아, 토마토, 아라비도시스 및 담배의 식물 세포 배양물 또한 숙주로서 활용될 수 있다. 식물 세포 배양에서의 단백질 발현에서 유용한 클로닝 및 발현 벡터들은 당업자에게 알려져 있다. 예컨대, Hiatt *et al.*, Nature (1989) 342: 76-78, Owen *et al.* (1992) Bio/Technology 10: 790-794, Artsaenko *et al.* (1995) The Plant J 8: 745-750, 및 Fecker *et al.* (1996) Plant Mol Biol 32: 979-986 참조.

[0103] 그러나, 가장 관심있는 것은 척추동물 세포 및 배양물 중의 척추동물세포의 증식(조직 배양)이 일반적 과정이다. 유용한 포유동물 숙주 세포주의 예는 SV40에 의해 형질감염된 원숭이 신장 CV1 세포주 (COS-7, ATCC CRL 1651); 인간 배아 신장 세포주 (현탁 배양액 중의 성장에 대해 서브클로닝된 293 또는 293 세포주, Graham *et al.*, J. Gen Virol. 36 : 59 (1977)); 아기 햄스터 신장 세포 (BHK, ATCC CCL 10); 중국 햄스터 난소 세포/-DHFR (CHO, Urlaub *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77: 4216 (1980)); 마우스 세르토리 세포(TM4, Mather, Biol. Reprod. 23: 243-251 (1980)); 원숭이 신장 세포 (CV1 ATCC CCL 70); 아프리카 녹색 원숭이 신장 세포 (VERO-76, ATCC CRL1587); 인간 자궁경부암종 (HELA, ATCC CCL 2); 개 신장 세포 (MDCK, ATCC CCL 34); 버팔로 랫트 간 세포 (BRL 3A, ATCC CRL 1442); 인간 폐 세포 (W138, ATCC CCL 75); 인간 간 세포 (Hep G2, 1413 8065); 마우스 유방 종양 (MMT 060562, ATCC CCL5 1); TRI 세포 (Mather *et al.*, Annals N. Y Acad. Sci. 383 : 44-68 (1982)); MRC 5 세포; FS4 세포; 및 인간 간종양 세포주 (Hep G2)이다.

[0104] 제조합 기술을 이용할 때, 본 발명의 결합 분자는 세포내에서, 주변세포질 공간 내에서 생산되거나, 또는 배지로 직접 분비될 수 있다. 결합 분자가 세포내에서 생산되는 경우, 첫 번째 단계로서, 침전물 찌꺼기, 숙주 세포 또는 용해된 단편들이, 예를 들어, 원심분리 또는 초미세여과에 의해 제거된다. Carter *et al.*, Bio/Technology 10: 163-167 (1992)는 *E. coli*의 주변세포질 공간 내로 분비되는 항체들을 분리하는 과정을 기술한다. 요약하면, 세포 페이스트를 소듐 아세테이트(pH 3.5), EDTA, 및 페닐메틸설포닐플루오라이드 (PMSF)의 존재 중에서 약 30분에 걸쳐 녹인다. 세포 잔해물을 원심분리에 의해 제거한다. 항체가 배지로 분비되는 경우, 그러한 발현 시스템으로부터의 상층액을 일반적으로 상업적으로 입수가 가능한 단백질 농축 필터, 예를 들어, Amicon 또는 Millipore Pellicon 초미세여과 유닛을 이용하여 먼저 농축시킨다. PMSF과 같은 단백질 저해제를 앞서 언급한 임의의 단계에 포함시켜 단백질분해를 저해할 수 있으며 항생제를 포함시켜 우발적인 오염원의 성장을 예방할 수 있을 것이다.

[0105] 숙주 세포로부터 제조된 본 발명의 결합 분자는 예를 들어, 하이드록실아파타이트 크로마토그래피, 겔 전기영동, 투석 및 친화성 크로마토그래피를 이용하여 정제될 수 있으며, 친화성 크로마토그래피가 바람직한 정제 기술이다.

[0106] 친화성 리간드가 부착되는 매트릭스는 가장 빈번하게는 아가로스이나, 다른 매트릭스도 이용가능하다. 조절된 포어 글라스 또는 폴리(스티렌디비닐)벤젠과 같은 기계적으로 안정한 매트릭스는 아가로스에 의해 달성될 수 있는 것에 비해 더 빠른 유속과 더 짧은 공정 시간을 허용한다. 본 발명의 결합 분자가 CH3 도메인을 포함하는 경우, Bakerbond ABXmresin (J. T. Baker, Phillipsburg, NJ)이 정제를 위해 유용할 수 있다. 회수되는 항체에 따라 이온-교환 컬럼 상에서의 분별, 에탄올 침전법, 역상 HPLC, 실리카 상의 크로마토그래피, 헤파린 SEPHAROSE<sup>TM</sup> 상의 크로마토그래피, 음이온 또는 양이온 교환 수지(폴리아스파르트산 컬럼과 같은) 상에서의 크로마토 그래피, 크로마토-포커싱, SDS-PAGE, 및 암모늄 설페이트 침전법과 같은 단백질 정제를 위한 다른 기술들도 또한 이용가능하다.

- [0107] 또 다른 양태에서, 본 발명의 결합 분자의 생산 방법이 제공되며, 상기 생산 방법은 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 여기에서 정의된 숙주 세포를 배양하고 배양물로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함한다.
- [0108] 용어 "배양"은 배지 중에서 적합한 조건 하에서의 세포의 인 비트로에서의 유지, 분화, 성장, 증식 및/또는 번식을 말한다.
- [0109] 대체적인 구체예에서, 본 발명의 결합 분자 또는 본 발명의 방법에 따라 생산된 결합 분자를 포함하는 조성물이 제공된다. 바람직하게는 상기 조성물은 약학적 조성물이다.
- [0110] 여기에서 사용된, 용어 "약학적 조성물"은 환자, 바람직하게는 인간 환자에 투여를 위한 조성물에 관한 것이다. 특히 바람직한 본 발명의 약학 조성물은 본 발명의 결합 분자를 포함한다. 바람직하게는 약학 조성물은 담체, 안정화제 및/또는 부형제의 적합한 제제를 포함한다. 바람직한 구체예에서, 약학 조성물은 비경구, 경피, 체강내(intraluminal), 동맥내, 척수관내 및/또는 비강내 투여를 위한 또는 조직으로의 직접 주사를 위한 조성물을 포함한다. 상기 조성물은 주입 또는 주사를 통해 환자에게 투여되는 것이 특히 고려된다. 적합한 조성물의 투여는 상이한 방식에 의해, 예컨대, 정맥내, 복강내, 피하, 근육내, 국소 또는 피내 투여에 의해 이루어질 수 있다. 특히, 본 발명은 적합한 조성물의 중단되지 않는 투여에 대해 제공된다. 비제한적 예로서, 중단되지 않는, 즉, 연속적인 투여는 환자의 체내로 치료제의 유입을 계측하기 위한 환자에게 장착된 작은 펌프 시스템에 의해 실현될 수 있다. 본 발명의 결합 분자를 포함하는 약학 조성물은 상기 펌프 시스템을 이용함으로써 투여될 수 있다. 그러한 펌프 시스템은 당업계에 일반적으로 알려져 있으며, 통상적으로 주입되는 치료제를 포함하는 카트리지의 주기적인 교환에 의존한다. 그러한 펌프 시스템에서 카트리지를 교환할 때 환자의 체내로의 치료제의 그렇지 않았다면 중단되지 않는 흐름의 일시적인 중단이 뒤따를 수 있다. 그러한 경우에서, 카트리지 교체 이전의 투여 단계 및 카트리지 교체 후 투여의 단계는 본 발명의 약학적 수단 및 방법의 의미 내에서 그러한 치료제의 하나의 "중단되지 않는 투여"를 함께 이루는 것으로 여전히 고려될 것이다.
- [0111] 본 발명의 이들 결합 분자의 연속적인 또는 중단되지 않는 투여는 저장소 밖으로 유체를 운반하기 위한 유체 운반 기구 및 상기 운반 기구를 작동시키기 위한 작동 기구를 포함하는 유체 전달 장치 또는 작은 펌프 시스템에 의해 정맥내 또는 피하로 투여될 수 있다. 피하 투여용 펌프 시스템은 환자의 피부를 관통하여 환자의 신체에 적합한 조성물을 전달하기 위한 니들 또는 캐놀러를 포함할 수 있다. 상기 펌프 시스템은 환자의 정맥, 동맥 또는 혈관과 독립적으로 환자의 피부에 직접 고정되거나 부착되어 상기 펌프 시스템 및 환자의 피부 사이의 직접적인 접촉을 허용할 수 있다. 상기 펌프 시스템은 24시간에서 수일까지 동안 환자의 피부에 부착될 수 있다. 상기 펌프 시스템은 작은 부피에 대한 저장소를 갖는 작은 크기일 수 있다. 비제한적인 예로서, 투여되는 적합한 약학 조성물에 대한 저장소의 부피는 0.1 내지 50 ml일 수 있다.
- [0112] 연속적 투여는 피부에 작용되고 간격을 두고 교체되는 패치에 의한 경피 투여일 수 있다. 당업자는 이러한 목적에 적합한 약물 전달용 패치 시스템을 알고 있다. 첫번째 소진된 패치의 교체가 유리하게도, 예를 들어, 첫 번째 소진된 패치와 바로 인접한 피부 표면 상에 그리고 첫 번째 소진된 패치의 제거 직전에, 새로운 두 번째 패치의 배치와 동시에 수행될 수 있으므로, 경피 투여는 특히 중단되지 않는 투여를 잘 처리할 수 있다는 점이 중요하다. 본 발명의 조성물은 추가로 약학적으로 허용가능한 담체를 포함할 수 있다. 적합한 약학적 담체의 예는 당업계에 잘 알려져 있으며, 인산 완충 식염수 용액, 물, 오일/물 에멀전과 같은 에멀전, 다양한 유형의 습윤제, 멸균 용액, 리포솜 등을 포함한다. 그러한 담체를 포함하는 조성물은 잘 알려진 통상의 방법에 의해 제제화될 수 있다. 제제화는 카보하이드레이트, 완충 용액, 아미노산 및/또는 계면활성제를 포함할 수 있다. 카보하이드레이트는 비환원당, 바람직하게는 트레할로스, 수크로스, 옥타실페이트, 소르비톨 또는 자일리톨일 수 있다. 일반적으로, 여기에서 사용된 "약학적으로 허용가능한 담체"는 약학적 투여에 적합한, 임의의 모든 용매, 현탁 매질, 코팅제, 향균제 및 항진균제, 등장제 및 흡수 지연제를 포함한다. 약학적 활성 성분에 대한 그러한 매질 및 시약의 사용은 당업계에 잘 알려져 있다. 허용가능한 담체, 부형제 또는 안정화제는 사용된 투여량 및 농도에서 수령자에게 비독성이며 다음을 포함한다: 추가의 완충 시약; 보존제; 공용매; 아스코르브산 및 메티오닌을 포함하는 항산화제; EDTA와 같은 킬레이팅제; 금속 복합체(예컨대, Zn-단백질 복합체); 폴리에스테르와 같

은 생분해성 폴리머; 소듐, 다가 당 알코올과 같은 염-형성 반대이온; 알라닌, 글라이신, 아스파라긴, 2-페닐알라닌 및 트레오닌과 같은 아미노산; 트레할로스, 수크로스, 옥타설페이트, 소르비톨 또는 자일리톨 스타키오스, 만노오스, 소르보스, 자일로스, 리보오스, 마이오이니시토스(myoinisitose), 갈락토오스, 락티톨, 리비톨, 마이오이니시톨, 갈락티톨, 글리세롤, 사이클리톨(예컨대, 이노시톨), 폴리에틸렌 글리콜과 같은 당 또는 당 알코올; 글루타티온, 티옥산, 소듐 티오글리콜레이트, 티오글리세롤, [알파]-모노티오글리세롤, 및 소듐 티오설페이트와 같은 황 함유 환원제; 인한 혈청 알부민, 소 혈청 알부민, 젤라틴 또는 기타 이뮤노글로불린과 같은 저분자량 단백질; 및 폴리비닐피롤리돈과 같은 친수성 폴리머. 그러한 제제는 펌프 시스템과 함께 및/또는 없이 정맥 내 또는 피하일 수 있는 연속 투여를 위해 사용될 수 있다. 아미노산은 하전된 아미노산, 바람직하게는 리신, 리신 아세테이트, 아르기닌, 글루타메이트 및/또는 히스티딘일 수 있다. 계면활성제는 바람직하게는 >1.2 KD의 분자량을 갖는, 세제 및/또는 바람직하게는 >3 KD의 분자량을 갖는, 폴리에테릴 수 있다. 바람직한 세제에 대한 비제한적인 예는 트윈 20, 트윈 40, 트윈 60, 트윈 80 또는 트윈 85일 수 있다. 바람직한 폴리에테르에 대한 비제한적인 예는 PEG 3000, PEG 3350, PEG 4000 또는 PEG 5000일 수 있다. 본 발명에서 사용된 완충 시스템은 바람직하게는 5-9의 pH를 가질 수 있으며, 시트레이트, 숙시네이트, 포스페이트, 히스티딘 및 아세테이트를 포함할 수 있다.

[0113] 본 발명의 조성물은 비-침팬지 영장류, 예를 들어 마카크에 대해 여기에서 기술된 중간 특이성을 나타내는 본 발명의 폴리펩타이드의 증가하는 투여량을 투여함에 의해 예컨대 용량 확대 연구에 의해 결정될 수 있는 적합한 투여량으로 대상체에게 투여될 수 있다. 앞서 언급한 바와 같이, 여기에서 기술된 중간 특이성을 나타내는 본 발명의 결합 분자는 비침팬지 영장류에서 전임상 시험에서와 동일한 형태로 유리하게 사용될 수 있고 인간에서 약물로서 사용될 수 있다. 이들 조성물은 또한 다른 단백질성 및 비단백질성 약물과 조합하여 투여될 수 있다. 이들 약물을 여기에서 정의된 본 발명의 폴리펩타이드를 포함하는 조성물과 동시적으로 또는 상기 폴리펩타이드의 투여 전 또는 후에 분리하여 정해진 시간 간격과 용량으로 투여될 수 있다. 투여량 요법은 주치의와 임상적 인자에 의해 결정될 수 있을 것이다. 임의의 한 환자에 대한 투여량은 환자의 크기, 신체 표면적, 나이, 투여받고 있는 특정 화합물, 성별, 투여의 시간 및 경로, 일반적 건강, 및 동시에 투여되는 다른 약물을 포함한 많은 인자들에 의존된다는 점은 의학 분야에서 잘알려져 있다.

[0114] 비경구 투여용 제제는 멸균 수성 및 비수성 용액, 현탁액, 및 에멀전을 포함한다. 비수성 용매의 예는 프로필렌 글리콜, 폴리에틸렌 글리콜, 올리브유와 같은 식물유, 및 에틸 올레이트와 같은 주사가능한 유기 에스테르를 포함한다. 수성 담체는 식염수 및 완충 매질을 포함하여, 물, 알코올성/수성 용액, 에멀전 또는 현탁액을 포함한다. 비경구 비히클은 소듐 클로라이드 용액, 링거 텍스트로스, 텍스트로스 및 소듐 클로라이드, 유산 링거액, 또는 불휘발성유를 포함한다. 정맥내 비히클은 유체 및 영양 보충제, 전해질 보충제(링거 텍스트로스에 기초한 것들과 같은) 등을 포함한다. 예를 들어, 항미생물제, 항산화제, 킬레이팅제, 불활성 가스 등과 같은 보존제 및 기타 첨가제 또한 존재할 수 있다. 또한, 본 발명의 조성물은 예컨대, 바람직하게는, 인간 기원의, 혈청 알부민 또는 이뮤노글로불린과 같은 단백질성 담체를 포함할 수 있다. 본 발명의 조성물은 여기에서 정의된 본 발명의 폴리펩타이드에 더하여 추가로 조성물의 의도된 용도에 따른 추가의 생물학적 활성제를 포함할수 있는 것으로 고려된다. 그러한 활성제는 위장관계에 작용하는 약물, 세포정지제(cytostatica)로 작용하는 약물, 고요산 혈증을 예방하는 약물, 면역응을 저해하는 약물(예컨대, 코르티코스테로이드), 염증 반응을 조절하는 약물, 순환계에 작용하는 약물 및/또는 당업계에 알려진 사이토카인과 같은 물질일 수 있다. 본 발명의 결합 분자는 또한 동시-요법, 즉 다른 항암 의약과 함께 조합하여 적용되는 것이 또한 고려된다.

[0115] 여기에서 정의된 약학적 조성물의 생물학적 활성은 하기 실시예, WO 99/54440 또는 Schlereth *et al.* (Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12)에서 기술하고 있는 바와 같은, 예를 들어 세포독성 어세이에 대해 측정될 수 있다. 여기에서 사용된 "효능" 또는 "인 비보 효능"은 예컨대, 표준화된 NCI 반응 기준을 이용하여 본 발명의 약학적 조성물에 의한 치료법에 대한 반응을 말한다. 본 발명의 약학적 조성물을 이용한 치료법의 성공 또는 인비보 효능은 그의 의도된 목적에 대한 조성물의 효과, 즉 그의 원하는 효과, 즉, 병리학적 세포, 즉 종양세포의 감소를 야기하는 조성물의 능력을 말한다. 인 비보 효능은 이에 제한되는 것은 아니나 백혈구 계수, 감별, FACS(Fluorescence Activated Cell Sorting), 골수천자를 포함한, 각각의 질병의 실체에 대한 확립된 표준 방법에 의해 모니터링 될 수 있다. 추가로, 다양한 질환 특이적 임상적 화학 파라미터 및 기타 확립된 표준 방법들이 사용될 수 있다. 나아가, 컴퓨터-보조 토모그래피, X-레이, 핵자기공명 토모그래피(예컨대, National Cancer Institute-기준 기초의 반응 평가 [Cheson BD, Horning SJ, Coiffier B, Shipp MA,



Fisher RI, Connors JM, Lister TA, Vose J, Grillo-Lopez A, Hagenbeek A, Cabanillas F, Klippensten D, Hiddemann W, Castellino R, Harris NL, Armitage JO, Carter W, Hoppe R, Canellos GP. Report of an international workshop to standardize response criteria for non-Hodgkin's lymphomas. NCI Sponsored International Working Group. J Clin Oncol. 1999 Apr;17(4):1244]에 대해), 양전자 방사 단층 촬영 스캐닝, 백혈구 계수, 감별, FACS(Fluorescence Activated Cell Sorting), 골수천자, 림프절 생검/조직학, 및 다양한 림프종 특이적 임상적 화학 파라미터(예컨대, 락테이트 디하이드로게네이스) 및 기타 확립된 표준 방법들이 사용될 수 있다.

- [0116] 본 발명의 약학 조성물과 같은 약물의 개발에서의 또 다른 주요 도전은 약동학적 특성의 예측가능한 조절이다. 이 측면에서 약물 후보의 약동학적 프로파일, 즉, 주어진 상태를 치료하는 특정 약물의 능력에 영향을 미치는 약동학적 파라미터의 프로파일이 확립될 수 있다. 특정 질환 실체를 치료하기 위한 약물의 능력에 영향을 미치는 약물의 약동학적 파라미터는, 이에 제한되는 것은 아니나, 반감기, 분포 용적, 간 초회 통과 대사 및 혈액 혈청 결합의 정도를 포함한다. 주어진 약물의 효능은 상기 언급된 각각의 파라미터에 의해 영향을 받을 수 있다.
- [0117] "반감기"는 투여된 약물의 50%가 생물학적 과정, 예컨대, 대사, 분비 등을 통해 제거되는 시간을 의미한다.
- [0118] "간 초회 통과 대사(hepatic first-pass metabolism)"는 약물이 간과 첫 번째 접촉할 때, 즉 간을 처음으로 통과하는 동안 약물이 대사되는 경향을 의미한다.
- [0119] "분포 용적"은 예컨대, 세포내 및 세포외 공간, 조직 및 기관 등과 같은 신체의 다양한 구획을 통한 약물의 보유 정도 및 이들 구획 내의 약물의 분포를 의미한다.
- [0120] "혈액 혈청 결합의 정도"는 알부민과 같은 혈액 혈청 단백질과 상호작용 및 결합하여 약물의 생물학적 활성의 감소 또는 손실을 이끄는 약물의 경향을 의미한다.
- [0121] 약동학적 파라미터는 또한 생체이용율, 지연 시간 (Tlag), Tmax, 흡수율, 더 많은 발병 및/또는 투여되는 약물의 주어진 양에 대한 Cmax를 포함한다. "생체이용율"은 혈액 구획 내 약물의 양을 의미한다. "지연 시간"은 약물의 투여와 그의 탐지 및 혈액 또는 혈장 중의 가측성 간의 시간 지연을 의미한다.
- [0122] "Tmax"는 약물의 최대 혈중 농도가 도달된 후의 시간이고, "Cmax"는 주어진 약물로 최대 얻어진 혈중 농도이다. 그의 생물학적 효과에 대해 요구되는 약물의 혈액 또는 조직 동도에 도달하는 시간은 모든 파라미터에 의해 영향을 받는다. 상기 개략된 바와 같이 비침팬지 영장류의 전임상 동물 시험에서 결정될 수 있는 중간 특이성을 나타내는 이중특이적 단일체 항체의 약동학적 파라미터는 예컨대, Schlereth *et al.* 에 의한 문헌(Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12)에서 언급하고 있다.
- [0123] 여기에서 사용된 용어 "독성"은 유해 사례 또는 심각한 유해 사례에서 나타난 약물의 독성 효과를 말한다. 이들 부작용은 투여후 일반적인 약물의 내약성의 결여 또는 국소적 용인의 결여로 말할 수 있다. 독성은 또한 약물에 의해 야기된 기형발생 또는 암종발생 효과를 포함할 수 있다.
- [0124] 여기에서 사용된 용어 "안전성", "인 비보 안정성" 또는 "내약성"은 약물의 투여 직후(국소적 용인) 및 약물의 장기간의 적용 후 심각한 유해 사례가 없는 약물의 투여를 정의한다. "안전성", "인 비보 안정성" 또는 "내약성"은 예컨대, 치료와 추적관찰 기간 동안 규칙적인 간격으로 평가할 수 있다. 측정은 임상적 평가, 예컨대, 장기 소견 및 실험실적 비정상의 스크리닝을 포함한다. 임상적 평가가 수행되며 정상 소견에 대한 일탈이 NCI-CTC 및/또는 MedDRA 표준에 따라 기록된/코드된다. 장기 소견은 예컨대, Common Terminology Criteria for

adverse events v3.0(CTCAE)에서 제시한 바와 같은 알러지/면역학, 혈액/골수, 심장 부정맥, 응집 등과 같은 판단기준을 포함한다. 시험될 수 있는 실험실적 파라미터는 예를 들어 혈액학, 임상 화학, 응집 프로파일 및 노 분석, 그리고 혈청, 혈장, 림프액 또는 척수액, 액 등과 같은 다른 체액의 시험을 포함한다. 따라서, 안전성은 물리적 실험, 이미징 기술(즉, 초음파, x-레이, CT 스캔, 자기공명영상(MRI), 기술적 장비로의 다른 측정(즉, 심전도), 활력징후에 의해, 실험적 파라미터를 측정하고 유해 사례를 기록함으로써 평가될 수 있다. 예를 들어, 본 발명에 따른 용도 및 방법에서의 비침팬지 영장류에서의 유해 사례는 조직병리학적 및/조직화학적 방법에 의해 시험될 수 있다.

- [0125] 용어 "유효 용량" 또는 "유효 투여량"은 원하는 효과를 달성 또는 적어도 부분적으로 달성하기에 충분한 양으로 정의된다. 용어 "치료상 유효 용량"은 이미 그 병을 앓고 있는 환자에서 병을 치료 또는 적어도 부분적으로 막기에 충분한 양으로서 정의된다. 이러한 용도를 위해 효과적인 양은 감염의 중증도 및 환자 자신의 면역계의 일반적 상태에 따라 의존될 수 있다. 용어 "환자"는 예방적 또는 치료적 처치를 받는 인간 및 다른 포유동물 대상체를 포함한다.
- [0126] 여기에서 사용된 용어 "유효 및 비독성 용량"은 주된 독성 효과 없이 또는 필수적으로 없이 병리학적 세포의 고갈, 종양 제거, 종양 수축 또는 질환의 안정화를 야기하기에 충분히 높은 본 발명의 결합 분자의 용인가능한 용량을 말한다. 그러한 유효 및 비독성 용량은 예컨대 당업계에서 기술된 용량 확대(dose escalation) 연구에 의해 결정될 수 있으며, 심각한 부작용 현상을 유도하는 용량 아래여야 한다 (용량 제한 독성(dose limiting toxicity, DLT)).
- [0127] 상기 용어들은 또한 예컨대, Preclinical safety evaluation of biotechnology-derived pharmaceuticals S6; ICH Harmonised Tripartite Guideline; ICH Steering Committee meeting on July 16, 1997를 참고한다.
- [0128] 본 발명의 결합 분자의 적당한 투여량, 또는 치료상 유효량은 치료될 상태, 상태의 중증도, 이전 치료법, 및 환자의 임상적 경력 및 치료제에 대한 반응에 의존할 것이다. 적당한 용량은 의사의 판단에 따라 1회 또는 그 이상의 일련의 투여로 환자에게 투여될 수 있도록 조절될 수 있다. 약학적 조성물은 필요에 따라 단독 치료법으로 또는 항암 요법과 같은 추가의 치료법과 조합하여 투여될 수 있다.
- [0129] 본 발명의 약학 조성물은 특히, 비경구 투여, 즉 피하, 근육내, 정맥내, 관절 내 및/또는 윤활낭내 투여를 위해 유용하다. 비경구 투여는 일시 주사 또는 연속적 주입에 의할 수 있다.
- [0130] 약학적 조성물이 동결건조되는 경우, 동결건조된 물질은 우선 투여 전에 적당한 액체 중에서 재구성된다. 동결건조된 물질은 예컨대, 주사를 위한 세균발육억제수(bacteriostatic water for injection (BWFI)), 생리식염수, 포스페이트 완충 식염수(PBS) 또는 동결건조 되기 이전의 단백질의 동일 제제 중에서 재구성될 수 있다.
- [0131] 바람직하게는, 본 발명의 결합 분자 또는 본 발명의 제조방법에 의해 생산된 결합 분자는 증식성 질환 종양성 질환 또는 면역학적 장애로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선에 사용된다.
- [0132] 본 발명의 대체적인 구체예는 본 발명의 결합 분자 또는 본 발명의 제조방법에 의해 생산된 결합 분자를 이를 필요로 하는 환자에게 투여하는 단계를 포함하는 증식성 질환 종양성 질환 또는 면역학적 장애로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선 방법을 제공한다.

- [0133] 여기에서 기술된 제제는 그를 필요로 하는 환자에서 여기에서 기술된 병리학적 의학적 상태의 치료, 개선 및/또는 예방에서 약학적 조성물로서 유용하다. 용어 "치료"는 치료적 처리 및 방지 및 예방책 모두를 말한다. 치료는 질병/장애, 질병/장애의 증상 또는 질병/장애에 대한 소인을 갖는 환자의 몸, 단리된 조직, 또는 세포에 제제를 질병/장애, 질병/장애의 증상 또는 질병/장애에 대한 소인을 낮게 하거나, 치유, 완화, 경감, 변화, 구제, 개선, 향상, 또는 영향을 미칠 목적으로 적용 또는 투여하는 것을 포함한다.
- [0134] "치료가 필요한" 이들은 이미 그 장애를 갖고 있는 이들 뿐만 아니라 그 장애가 예방되기 위한 이들도 포함한다. 용어 "질환"은 여기에서 기술된 단백질 제제로의 치료로 혜택을 받는 임의의 상태이다. 이는 포유동물이 문제의 그 질병에 취약하게 하는 이들 병리학적 상태를 포함하는 만성 및 급성 장애 또는 질환을 포함한다. 여기에서 치료되는 질병/장애의 비제한적 예는 증식성 질환, 종양성 질환 또는 면역학적 장애를 포함한다.
- [0135] 바람직하게는, 본 발명의 결합 분자는 형질세포 장애 및/또는 자가면역 질환과 같은 BCMA (과)발현과 연관된 B 세포장애의 예방, 치료 또는 개선을 위한 것이다. 상기 자가면역 질환은, 예를 들어 전신홍반성 낭창 또는 류마티스 관절염이다.
- [0136] BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자에 의하여 매개되는 세포독성은 다양한 방법으로 측정될 수 있다. 효과기 세포는 예를 들어, 자극된 강화된 (인간) CD8 양성 T 세포 또는 비자극된 (인간) 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)일 수 있다. 표적 세포가 마카크 기원이거나 또는 마카크 BCMA를 발현하거나 BCMA로 형질감염된 경우, 효과기 세포 또한 마카크 T세포주, 예를 들어, 4119LnPx와 같은 마카크 기원이어야 한다. 표적 세포는 BCMA(적어도 그의 세포 외 도메인), 예를 들어, 인간 또는 마카크 BCMA를 발현하여야 한다. 표적 세포는 안정적으로 또는 일시적으로 BCMA로 형질감염된 세포주 (CHO와 같은), 예를 들어, 인간 또는 마카크 BCMA일 수 있다. 이에 대신하여, 표적 세포는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 또는 NCI-H929와 같은 BCMA 양성 내추럴 발현자 세포주일 수 있다. 보통 EC50-값은 세포 표면에서 더 높은 수준으로 BCMA를 발현하는 표적 세포주보다 낮을 것으로 예측된다. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율은 보통 약 10:1이나, 또한 다양할 수 있다. BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 세포독성 활성은 51-크로뎀 방출 어세이 (약 18 시간의 인큐베이션 시간) 또는 FACS-기반 세포독성 어세이 (약 48 시간의 인큐베이션 시간)에서 측정될 수 있다. 어세이 인큐베이션 시간 (세포독성 반응)의 변경 또한 가능하다. 세포독성을 측정하는 다른 방법은 통상의 기술자에게 잘 알려져 있고 MTT 또는 MTS 어세이, 생물발광 어세이를 포함하는 ATP-기반 어세이, 술포로다민 B(sulforhodamine B, SRB) 어세이, WST 어세이, 클론원성(clonogenic) 어세이 및 ECIS 기술을 포함한다.
- [0137] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자에 의하여 매개되는 세포독성 활성은 바람직하게는 세포-기반 세포독성 어세이에서 측정된다. 세포독성 활성은 최대 유효 농도의 절반값에 해당하는 EC<sub>50</sub> 값에 의해 표현된다 (최저 및 최대 사이의 중간의 세포독성 반응을 유도하는 결합 분자의 농도).
- [0138] 또한, 본 발명의 결합 분자를 이를 필요로 하는 대상체에 투여하는 것을 포함하는, 형질세포 장애 및/또는 자가면역 질환과 같은 BCMA (과)발현과 연관된 B 세포장애의 치료 또는 개선 방법이 제공된다. 상기 자가면역 질환은, 예를 들어 전신홍반성 낭창 또는 류마티스 관절염이다.
- [0139] 형질세포 장애에서, 형질세포의 단일 클론은 제어할 수 없게 크게 증식된다. 그 결과, 이 클론은 M-단백질로 알려진 막대한 양의 단일(단일클론) 항체를 생산한다. 단일클론 감마병증을 갖는 것과 같은, 일부 경우에서, 생산된 항체는 오직 경쇄 또는 중쇄만으로 이루어져 불완전하다. 이들 비정상적인 형질세포 및 그들이 생산한 항체들은 대개 하나의 타입으로 제한된다.
- [0140] 바람직하게는, 형질세포 장애는 다발골수종, 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수의 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 및 무증상 다발골수종으로 이루어진 군으로부터 선택된다.
- [0141] 또 다른 양태에서, 본 발명의 결합 분자, 본 발명의 핵산 분자, 본 발명의 벡터 또는 본 발명의 숙주 세포를 포함하는 키트가 제공된다. 상기 키트는 결합 분자를 함유하는 하나 이상의 바이알 및 사용 지시서를 포함할 수 있다. 상기 키트는 또한 본 발명의 결합 분자를 투여하기 위한 시린지, 펌프, 인퓨저 등과 같은 수단, 본 발명

의 결합 분자를 재구성하기 위한 수단 및/또는 본 발명의 결합 분자를 회식하기 위한 수단을 포함한다.

- [0142] 본 발명의 또 다른 양태에서, 제2 결합 도메인은 CD3 앵실론에 결합할 수 있다. 본 발명의 또 다른 양태에서, 제2 결합 도메인은 인간 CD3 및 마카크 CD3, 바람직하게는 인간 CD3 앵실론 및 마카크 CD3 앵실론에 결합할 수 있다. 추가로 또는 대신에, 제2 결합 도메인은 비단 마모셋(*Callithrix jacchus*), 목화머리 타마린(*Saguinus oedipus*) 및/또는 다람쥐 원숭이(*Saimiri sciureus*) CD3 앵실론에 결합할 수 있다. 이들 구체예에 따르면, 본 발명의 결합 분자의 하나 또는 모두의 결합 도메인은 영장류의 포유동물목의 일원에 대해 바람직하게는 종간 특이적(cross-species specific)이다. 종간 특이적인 CD3 결합 도메인은, 예를 들어, WO 2008/119567에 기재되어 있다.
- [0143] T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인이 다음으로부터 선택되는 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 본 발명의 결합 분자가 특히 바람직하다:
- [0144] (a) WO 2008/119567의 서열번호: 27로 나타낸 CDR-L1, WO 2008/119567의 서열번호: 28로 나타낸 CDR-L2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 29로 나타낸 CDR-L3;
- [0145] (b) WO 2008/119567의 서열번호: 117로 나타낸 CDR-L1, WO 2008/119567의 서열번호: 118로 나타낸 CDR-L2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 119로 나타낸 CDR-L3; 및
- [0146] (c) WO 2008/119567의 서열번호: 153으로 나타낸 CDR-L1, WO 2008/119567의 서열번호: 154로 나타낸 CDR-L2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 155로 나타낸 CDR-L3.
- [0147] 본 발명의 결합 분자의 대신할 수 있는 바람직한 구체예에서, T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인은 다음으로부터 선택되는 CDR-H 1, CDR-H2 및 CDR-H3을 포함하는 VH 영역을 포함한다:
- [0148] (a) WO 2008/119567의 서열번호: 12로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 13으로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 14로 나타낸 CDR-H3;
- [0149] (b) WO 2008/119567의 서열번호: 30으로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 31로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 32로 나타낸 CDR-H3;
- [0150] (c) WO 2008/119567의 서열번호: 48로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 49로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 50으로 나타낸 CDR-H3;
- [0151] (d) WO 2008/119567의 서열번호: 66으로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 67로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 68로 나타낸 CDR-H3;
- [0152] (e) WO 2008/119567의 서열번호: 84로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 85로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 86로 나타낸 CDR-H3;
- [0153] (f) WO 2008/119567의 서열번호: 102로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 103으로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 104로 나타낸 CDR-H3;
- [0154] (g) WO 2008/119567의 서열번호: 120로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 121로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 122로 나타낸 CDR-H3;
- [0155] (h) WO 2008/119567의 서열번호: 138로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 139로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 140으로 나타낸 CDR-H3;
- [0156] (i) WO 2008/119567의 서열번호: 156으로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 157로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 158로 나타낸 CDR-H3; 및
- [0157] (j) WO 2008/119567의 서열번호: 174로 나타낸 CDR-H1, WO 2008/119567의 서열번호: 175로 나타낸 CDR-H2 및 WO 2008/119567의 서열번호: 176으로 나타낸 CDR-H3.
- [0158] 본 발명의 결합 분자에 대해 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인이 WO 2008/119567의 서열번호: 35, 39, 125, 129, 161 또는 165로 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것이 추가로 바람직하다.

- [0159] T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인이 WO 2008/119567의 서열번호: 15, 19, 33, 37, 51, 55, 69, 73, 87, 91, 105, 109, 123, 127, 141, 145, 159, 163, 177 또는 181로 나타낸 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것이 대체적으로 바람직하다
- [0160]
- [0161] 보다 바람직하게는, 본 발명의 결합 분자는 하기 군으로부터 선택되는 VL 영역 및 VH 영역을 포함하는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인에 특징이 있다:
- [0162] (a) WO 2008/119567의 서열번호: 17 또는 21에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 15 또는 19로 나타낸 VH 영역;
- [0163] (b) WO 2008/119567의 서열번호: 35 또는 39에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 33 또는 37로 나타낸 VH 영역;
- [0164] (c) WO 2008/119567의 서열번호: 53 또는 57에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 51 또는 55로 나타낸 VH 영역;
- [0165] (d) WO 2008/119567의 서열번호: 71 또는 75에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 69 또는 73으로 나타낸 VH 영역;
- [0166] (e) WO 2008/119567의 서열번호: 89 또는 93에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 87 또는 91로 나타낸 VH 영역;
- [0167] (f) WO 2008/119567의 서열번호: 107 또는 111에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 105 또는 109로 나타낸 VH 영역;
- [0168] (g) WO 2008/119567의 서열번호: 125 또는 129에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 123 또는 127로 나타낸 VH 영역;
- [0169] (h) WO 2008/119567의 서열번호: 143 또는 147에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 141 또는 145로 나타낸 VH 영역;
- [0170] (i) WO 2008/119567의 서열번호: 161 또는 165에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 159 또는 163으로 나타낸 VH 영역; 및
- [0171] (j) WO 2008/119567의 서열번호: 179 또는 183에 나타낸 VL 영역 및 WO 2008/119567의 서열번호: 177 또는 181로 나타낸 VH 영역.
- [0172] 본 발명의 결합 분자의 바람직한 구체예에 따르면, 특히 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인, VH-영역 및 VL-영역의 쌍들이 단일쇄 항체(scFv)의 형태이다. 상기 VH 및 VL 영역은 VH-VL 또는 VL-VH의 순으로 배열된다. VH-영역이 링커 서열에 대해 N-말단에 위치하는 것이 바람직하다. VL-영역은 링커서열의 C-말단에 위치한다.
- [0173] 상기 기술된 본 발명의 결합 분자의 바람직한 구체예는 WO 2008/119567의 서열번호: 23, 25, 41, 43, 59, 61, 77, 79, 95, 97, 113, 115, 131, 133, 149, 151, 167, 169, 185 또는 187로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인에 의해 특징지워진다.
- [0174] 한 구체예에서, 제1 또는 제2 결합 도메인은 항체로부터 유래된다. 또 다른 구체예에서, 결합 도메인 모두는 항체이거나 항체로부터 유래한다.
- [0175] 본 발명의 결합 분자에 대해 제1 및 제2 도메인이 (scFv)<sub>2</sub>, (단일 도메인 mAb)<sub>2</sub>, scFv-단일 도메인 mAb, 디아바



디 또는 그의 올리고머로부터 선택되는 분자를 형성하는 것이 또한 바람직하다.

- [0176] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 치료 효능 또는 항암 활성을 나타낼 수 있는 것으로 추가로 고려된다. 이는 첨부된 실시예, 예컨대 실시예 A19(점진적 단계 인간 종양 제노그래프트 모델)에서 개시된 바와 같은 연구에서 평가될 수 있다. 당업자는 이러한 연구에서 여전히 의미 있고 재현가능한 결과에 도달하면서도, 주사되는 종양 세포의 수, 주사의 부위, 이식된 인간 T 세포의 수, 투여되는 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 양, 타임라인과 같은 특정 파라미터를 어떻게 수정하거나 변경할지 알고 있다. 바람직하게는 종양 성장 저해율 T/C [%]는 70 또는 60 이하, 보다 바람직하게는 50 또는 40 이하, 보다 더 바람직하게는 적어도 30 또는 20 이하 그리고 가장 바람직하게는 10 이하, 5 이하 또는 2.5 이하이다.
- [0177] 바람직하게는, 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 HL60, MES-SA, 및 SNU-16과 같은 BCMA 음성 세포의 용해를 필수적으로 유도/매개하지 않는다. 용어 "용해를 유도하지 않는다", "용해를 필수적으로 유도하지 않는다", "용해를 매개하지 않는다" 또는 "용해를 필수적으로 용해하지 않는다"는 NCI-H929, L-363 또는 OPM-2와 같은 BCMA 양성 세포의 용해는 100%가 되도록 예정할 경우, 30% 이상의, 바람직하게는 20% 이상의, 보다 바람직하게는 10% 이상의, 특히 바람직하게는 9%, 8%, 7%, 6% 또는 5% 이상의 BCMA 음성 세포의 용해를 유도 또는 매개하지 않는다는 것을 의미한다. 이는 적어도 500 nM까지의 결합 분자의 농도에 해당된다. 당업자는 추가의 어려움 없이도 세포 용해를 어떻게 측정하는지 알고 있다. 게다가 본 명세서는 세포 용해를 어떻게 측정하는지 특별한 지시를 교시하고 있다, 예컨대 하기 실시예 A20 참조.
- [0178] 본 발명은 또한 서열번호: 1-1000 및 1022-1093에서 볼 수 있는 아미노산 서열 중 어느 하나를 포함하는 결합 분자를 제공한다.
- [0179] 바람직하게는, 결합 분자는 "BCMA-(X)"로 명명된 결합 분자로부터의 세 개의 VH CDR 서열 ("VH CDR1", "VH CDR2", "VH CDR3"로 명명, 첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조)(여기에서 X는 1-100이다 (첨부된 서열 표의 2번째 컬럼 참조) 및/또는 BCMA-X로 명명된 결합 분자로부터의 세 개의 VL CDR 서열 ("VL CDR1", "VH CDR2", "VH CDR3"로 명명, 첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조)(여기에서 X는 1-100이다 (첨부된 서열 표의 2번째 컬럼 참조))를 포함한다.
- [0180] 바람직하게는, 결합 분자는 첨부된 서열 표에서 주어진 바와 같은 VH 및/또는 VL 서열을 포함한다 (첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조: "VH" 및 "VL").
- [0181] 바람직하게는, 결합 분자는 첨부된 서열 표에서 주어진 바와 같은 scFv 서열을 포함한다 (첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조: "scFv").
- [0182] 바람직하게는, 결합 분자는 첨부된 서열 표에서 주어진 바와 같은 이중특이적 분자 서열을 포함한다 (첨부된 서열 표의 4번째 컬럼 참조: "이중특이적 분자").
- [0183] 본 발명은 또한 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인을 포함하는, 적어도 두 개의 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 결합제에 관한 것으로, 여기에서 상기 제1 결합 도메인은 B 세포 성숙 항원 BCMA에 결합하고 상기 제2 결합 도메인은 CD3에 결합하며 (일반 항목 1), 또한 하기 일반 항목들(GI)을 포함한다:
- [0184] GI 2. 상기 제1 결합 도메인이 BCMA의 세포의 도메인에 결합하고 상기 제2 결합 도메인이 CD3의  $\epsilon$ 쇄에 결합하는 일반 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0185] GI 3. 전장 항체 또는 항체 단편의 형태인 일반 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0186] GI 4. 상기 제1 BCMA-결합 도메인이 마우스로부터 유래하고 제2 CD3-결합 도메인이 랫트로부터 유래한 것인 전장 항체의 형태의 일반 항목 3의 이중특이적 결합제.

- [0187] GI 5. 동일한 폴리펩타이드쇄 상에서 경쇄 가변 도메인에 연결된 중쇄 가변 도메인을 포함하며 두 개의 도메인들은 쌍을 이루지는 않는 디아바디 형태의 항체 단편의 형태인 일반 항목 3의 이중특이적 결합제.
- [0188] GI 6. 링커 펩타이드를 통해 또는 인간 혈청 알부민 분자에 의해 연결된 두 개의 scFv 분자로 이루어진 이중특이적 단일쇄 항체의 형태인 일반 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0189] GI 7. N-말단에서 C-말단으로 중쇄 영역 (VH) 및 상응하는 가변 경쇄 영역 (VL)이 다음 순으로 배열되어 있는 일반 항목 6의 이중특이적 결합제:
- [0190] VH(BCMA)-VL(BCMA) -VH(CD3)-VL(CD3),
- [0191] VH(CD3)-VL(CD3) -VH(BCMA)-VL(BCMA) 또는
- [0192] VH CD3)-VL(CD3)-VL(BCMA)-VH(BCMA).
- [0193] GI 8. VHHs 또는 VHs로부터 선택되는 단일 도메인 이뮤노글로블린 도메인의 형태인 일반 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0194] GI 9. 적어도 하나의 결합 도메인은 인간 BCMA에 대해 특이적이고 적어도 하나의 결합 도메인은 인간 CD3에 특이적인, 적어도 두 개의 결합 도메인을 지닌 네 개의 항체 가변 도메인을 갖는 Fv 분자의 형태인 일반 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0195] GI 10. BCMA에 특이적인 제1 결합 도메인, 상기 제1 결합 도메인에 대해 C-말단에 위치하는 불변 서브-영역, 상기 불변 서브-영역에 대해 C-말단에 위치하는 스킴피온 링커, 및 상기 불변-서브 영역에 대해 C-말단에 위치하고, CD3에 대해 특이적인 제2 결합 도메인으로 이루어진 단일쇄 결합 분자의 형태인 일반 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0196] GI 11. 항체 또는 항체 단편의 두 개의 중쇄/경쇄 Fv를 통해 BCMA에 결합하고 상기 항체 또는 항체 단편의 중쇄 또는 경쇄의 비-CDR 루프로 조작된 결합 도메인을 통해 CD3에 결합하는 항체-유사 분자의 형태인 일반 항목 1 또는 2의 이중특이적 결합제.
- [0197] GI 12. 이중특이적 안키린 반복 분자의 형태의 일반 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0198] GI 13. 상기 제1 결합 도메인은 항목 3 내지 12 중 어느 하나에 정의된 형태로부터 선택된 하나의 형태를 갖고, 상기 제2 결합 도메인은 항목 3 내지 12 중 어느 하나에 정의된 형태로부터 선택된 다른 형태를 갖는, 일반 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0199] GI 14. 바이사이클릭 펩타이드인 일반 항목 1의 이중특이적 결합제.
- [0200] GI 15. 일반 항목1 내지 14 중 어느 하나에 따른, 적어도 하나의 이중특이적 결합제를 포함하는 약학적 조성물.

- [0201] GI 16. 형질세포 장애 또는 BCMA 발현과 연관된 다른 B 세포 장애의 치료 및 자가면역 질환의 치료를 위한 일반 항목 1 내지 14 중 어느 하나의 이중특이적 결합제 또는 일반 항목 15의 약학적 조성물.
- [0202] GI 17. 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 다발골수종, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수와 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 무증상 다발골수종으로부터 선택되는 형질세포 장애의 치료를 위한 일반 항목 1 내지 14 중 어느 하나의 이중특이적 결합제 또는 일반 항목 15의 약학적 조성물.
- [0203] 상기 항목의 변경은 여기에 또한 포함된 EP-Nr. 10 191 418.2로부터 유도될 수 있다.
- [0204] **상세한 설명**
- [0205] 본 발명은 특히 다음과 같이 함께 분류된 결합 분자의 그룹과 관련되어 있다. 상기 기술된 바와 같은 정의, 구체에 및/또는 양태는 하기 결합 분자의 그룹에 적용가능하다.
- [0206] 결합 분자의 첫 번째 그룹 (A)
- [0207] 결합 분자의 첫 번째 그룹은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기에서 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 에피토프 클러스터 4에 결합할 수 있고, 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 결합 분자에 관한 것이다.
- [0208] 따라서, 제1 양태에서, 본 발명은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자를 제공하며, 여기에서
- [0209] (a) 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 에피토프 클러스터 4에 결합할 수 있고;
- [0210] (b) 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있으며;
- [0211] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41에 상응하며, BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응한다.
- [0212] 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3 (서열번호: 1016) 및 4 (서열번호: 1019)에 공통적으로 결합할 수 있는 것으로 또한 고려된다.
- [0213] 추가의 양태에서, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 1015에 나타난 BCMA의 키메릭 세포외 도메인에는 결합할 수 없다. 다시 말하면, 에피토프 클러스터 E7, 또는 보다 구체적으로, 서열번호: 1002의 아미노산 잔기 39 (아르기닌)은 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 결합에 중요한 항원성 역할을 수행한다. 이 아미노산이 다른 아미노산에 의해, 바람직하게는 프롤린 또는 알라닌으로의 치환과 같은 비보존적 치환의 방식에 의해 변경될 경우, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 BCMA의 세포외 도메인에 더 이상 결합할 수 없다.
- [0214] 용어 "결합할 수 없다"는 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인이 예컨대, 서열번호: 1015에 나타난 인간/뮤린 키메릭 BCMA에 결합할 수 없음을, 즉, 바람직하게는 첨부된 실시예 A에서 적용된 조건 하에서 예컨대, 서열번호: 1015에 나타난 인간/뮤린 키메릭 BCMA와 30% 이상, 바람직하게는 20% 이상, 보다 바람직하게는 10% 이상, 특히 바람직하게는 9%, 8%, 7%, 6% 또는 5% 이상의 반응성을 보이지 않음을 의미한다.



- [0215] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA ECD의 에피토프 클러스터 3 및 4에 결합할 수 있다. 따라서, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 뮤린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 3 및/또는 4가 각각의 뮤린 에피토프 클러스터로 대체되어 있는, 인간 BCMA를 포함하는 구조체가 생성; 각각 예시적으로 서열번호: 1011 및 1012 참조), 결합 도메인의 결합에 감소가 발생할 수 있다. 상기 감소는 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터에 결합하는 것을 100%로 예정할 때, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터와 비교하여 바람직하게는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%; 보다 바람직하게는 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 100%이다.
- [0216] 앞서 언급한 인간 BCMA/뮤린 BCMA 키메라는 CHO 세포에서 발현되는 것이 고려된다. 또한 적어도 하나의 인간 BCMA/뮤린 BCMA 키메라, 바람직하게는 뮤린 E3/인간 BCMA 키메라는 EpCAM과 같은 상이한 막-결합 단백질의 막관통 도메인 및/또는 세포질성 도메인과 융합되는 것이 고려된다; 도 2a 참조.
- [0217] 비-인간 (예컨대, 뮤린) BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로의 교체로 인한 결합의 이러한 손실을 시험하는 방법은 첨부된 실시예 A, 특히 실시예 A1-A3에 기재되어 있다. 주어진 결합 분자 또는 결합 도메인에 의한 인지에 대해 표적 항원의 특이적 잔기의 기여를 결정하기 위한 추가의 방법은 알라닌 스캐닝 (예컨대, Morrison KL & Weiss GA. Cur Opin Chem Biol. 2001 Jun;5(3):302-7 참조)으로, 여기에서 분석되는 각각의 잔기는, 예컨대, 위치지정 돌연변이를 통해 알라닌에 의해 대체된다. 알라닌은 크기가 크지 않고, 화학적으로 비활성인, 메틸 기능기를 갖고 그럼에도 불구하고 많은 다른 아미노산이 갖고 있는 2차 구조 레퍼런스를 모방하기 때문에 사용된다. 때때로 발린 또는 류신과 같은 크기가 큰 아미노산은 돌연변이된 잔기의 크기를 보존하는 것이 요구되는 경우 사용될 수 있다. 알라닌 스캐닝은 오랜기간 사용되어 온 발달된 기술이다.
- [0218] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4에 결합할 수 있고 추가로 마카크 BCMA, 바람직하게는 *Macaca mulatta* 또는 *Macaca fascicularis* 와 같은 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및/또는 4 (서열번호:1020 및 1021, 각각)에 결합할 수 있다. 제1 결합 도메인은 뮤린 BCMA에 결합하거나 결합하지 않는 것으로 고려된다.
- [0219] 따라서, 한 구체예에서, 서열번호: 1002에 나타난 인간 서열의, 아미노산 잔기 24 내지 41 및 아미노산 잔기 42 내지 54 각각에 의해 형성된 BCMA의 세포외 단백질 도메인의 에피토프 클러스터 3 및 4에 결합하는 결합 도메인은, 또한 마카크 BCMA, 특히 서열번호: 1006에 나타난 마카크 BCMA 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41 및 42 내지 54 각각에 의해 형성된 BCMA의 세포외 단백질 도메인의 에피토프 클러스터 3 및/또는 4에 결합할 수 있다.
- [0220] 한 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4에 결합할 수 있고, 여기에서 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4는 서열번호: 1002(인간 BCMA 전장 폴리펩타이드) 또는 서열번호: 1007 (인간 BCMA 세포외 도메인; 서열번호: 1002의 아미노산 1-54)에 나타난 서열의 아미노산 잔기 24 내지 40 및 41 내지 53에 각각 상응한다.
- [0221] 본 발명의 한 양태에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 *Callithrix jacchus*, *Saguinus oedipus* 및/또는 *Saimiri sciureus* BCMA의 에피토프 클러스터 3 및/또는 4 에 추가로 또는 대신하여 결합할 수 있다.
- [0222] 인간 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는  $\leq 40$  nM, 보다 바람직하게는  $\leq 35$  nM,  $\leq 15$  nM, 또는  $\leq 10$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 5$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 1$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 0.5$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 0.1$  nM, 그리고 가장 바람직하게는  $\leq 0.05$  nM이다. 마카크 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는  $\leq 15$  nM, 보다 바람직하게는  $\leq 10$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 5$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 1$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 0.5$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 0.1$  nM, 그리고 가장 바람직하게는  $\leq 0.05$  nM 또는 심지어  $\leq 0.01$  nM이다. 친화력은 예컨대, 실시예에 기술된 바와 같이, 예를 들어 Biacore 어세이 또는 Scatchard 어세이로 측정될 수 있다. 마카크 BCMA 대 인간 BCMA에의 결합에 대한 친화력의 차이는 바람직하게는 [1:10-1:5] 또는 [5:1-10:1], 보다 바람직하게는 [1:5-5:1], 그리고 가장 바람직하게는 [1:2-3:1] 또는 심지어 [1:1-3:1]이다. 친화력을 결정하는 다른 방법은 당업자에게 잘 알려져 있다.

- [0223] BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자에 의하여 매개되는 세포독성은 다양한 방법으로 측정될 수 있다. 효과기 세포는 예를 들어, 자극된 강화된 (인간) CD8 양성 T 세포 또는 비자극된 (인간) 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)일 수 있다. 표적 세포가 마카크 기원이거나 또는 마카크 BCMA를 발현하거나 BCMA로 형질감염된 경우, 효과기 세포 또한 마카크 T세포주, 예를 들어, 4119LnPx와 같은 마카크 기원이거나 한다. 표적 세포는 BCMA(적어도 그의 세포 외 도메인), 예를 들어, 인간 또는 마카크 BCMA를 발현하여야 한다. 표적 세포는 안정적으로 또는 일시적으로 BCMA로 형질감염된 세포주 (CHO와 같은), 예를 들어, 인간 또는 마카크 BCMA일 수 있다. 이에 대신하여, 표적 세포는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 또는 NCI-H929와 같은 BCMA 양성 내추럴 발현자 세포주일 수 있다. 보통 EC<sub>50</sub>-값은 세포 표면에서 더 높은 수준으로 BCMA를 발현하는 표적 세포주보다 낮을 것으로 예측된다. 효과기 세포 대 표적 세포 (E:T) 비율은 보통 약 10:1이나, 또한 다양할 수 있다. BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 세포독성 활성은 51-크로뮴 방출 어세이 (약 18 시간의 인큐베이션 시간) 또는 FACS-기반 세포독성 어세이 (약 48 시간의 인큐베이션 시간)에서 측정될 수 있다. 어세이 인큐베이션 시간 (세포독성 반응)의 변경 또한 가능하다. 세포독성을 측정하는 다른 방법은 통상의 기술자에게 잘 알려져 있고 MTT 또는 MTS 어세이, 생물발광 어세이를 포함하는 ATP-기반 어세이, 술포로다민 B(sulforhodamine B, SRB) 어세이, WST 어세이, 클론원성(clonogenic) 어세이 및 ECIS 기술을 포함한다.
- [0224] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자에 의하여 매개되는 세포독성 활성은 바람직하게는 세포-기반 세포독성 어세이에서 측정된다. 세포독성 활성은 최대 유효 농도의 절반값에 해당하는 EC<sub>50</sub> 값에 의해 표현된다 (최저 및 최대 사이의 중간의 세포독성 반응을 유도하는 결합 분자의 농도). 바람직하게는, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC<sub>50</sub> 값은 ≤20.000 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤5000 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤1000 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤500 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤350 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤10 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤5 pg/ml이다.
- [0225] 위에서 주어진 어느 EC<sub>50</sub> 값은 세포-기반 세포독성 어세이의 지정된 시나리오의 어느 하나와 조합될 수 있다. 예를 들어, 효과기 세포로서 (인간) CD8 양성 T 세포 또는 마카크 T 세포주가 사용되면, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC<sub>50</sub> 값은 바람직하게는 ≤1000 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤500 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤10 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤5 pg/ml이다. 이 어세이에서, 표적 세포가 CHO 세포와 같은 (인간 또는 마카크) BCMA로 형질감염된 세포이면, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC<sub>50</sub> 값은 바람직하게는 ≤150 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤30 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤10 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤5 pg/ml이다. 표적 세포가 BCMA 양성 내추럴 발현자 세포주인 경우에는, EC<sub>50</sub> 값은 바람직하게는 ≤350 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤200 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤150 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 또는 그 미만이다. 효과기 세포로서 (인간) PBMCs가 사용되면, BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 EC<sub>50</sub> 값은 바람직하게는 ≤1000 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤750 pg/ml, 더욱 바람직하게는 ≤500 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤350 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤320 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤250 pg/ml, 매우 더욱 바람직하게는 ≤100 pg/ml, 및 가장 바람직하게는 ≤50 pg/ml, 또는 그 미만이다.
- [0226] (항체와 같은) 개별적인 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 모노머 및 다이머 이소폼 간의 세포독성 활성의 차이는 효과 갭(potency gap)이라 지칭한다. 이 효과 갭은 예컨대 분자의 모노머 및 다이머의 EC<sub>50</sub>값 간의 비율로 계산할 수 있다. 시험된 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 효과 갭은 바람직하게는 ≤5, 보다 바람직하게는 ≤4, 보다 더 바람직하게는 ≤3, 보다 더 바람직하게는 ≤2 그리고 가장 바람직하게는 ≤1이다.
- [0227] 바람직하게는, 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 인간 BAFF-R 및/또는 인간 TACI에 결합하지 않거나 교차반응하지 않는다. 인간 BAFF-R 및/또는 인간 TACI과의 교차반응성을 탐지하는 방법은 실시예 A9에 개시되어

있다.

- [0228] 본 발명의 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 3번의 동결/융해 주기 후 1.5% 이하, 바람직하게는 0.8% 이하의 다 이머 퍼센테이지를 갖는 것이 또한 바람직하다. 동결-융해 주기 및 이량체 퍼센테이지는 실시예 A16에 따라 측정할 수 있다.
- [0229] 본 발명의 (항체와 같은) BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자는 60℃를 넘는, 보다 바람직하게는 62℃ 내지 63℃의 용융 온도를 갖는 이로온 열안정성을 보인다(실시예 A17 참조).
- [0230] (항체와 같은) BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 인간 혈장 단백질과의 잠재적 상호작용을 측정하기 위하여, 혈장 간섭 테스트(plasma interference test)가 수행될 수 있다 (예컨대, 실시예 A18 참조). 바람직한 구체예에서, 혈장 단백질에 의해 매개되는 BCMA/CD3 이중특이적 결합 분자의 표적 결합의 유의한 감소는 없다. 상대적인 혈장 간섭 수치는 바람직하게는  $\leq 2$ 이다.
- [0231] 한 구체예에서, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함한다:
- [0232] (a) 서열번호: 231에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 232에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 233에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 234에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 235에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 236에 나타낸 CDR-L3;
- [0233] (b) 서열번호: 241에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 242에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 243에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 244에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 245에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 246에 나타낸 CDR-L3;
- [0234] (c) 서열번호: 251에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 252에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 253에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 254에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 255에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 256에 나타낸 CDR-L3;
- [0235] (d) 서열번호: 261에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 262에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 263에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 264에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 265에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 266에 나타낸 CDR-L3;
- [0236] (e) 서열번호: 271에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 272에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 273에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 274에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 275에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 276에 나타낸 CDR-L3;
- [0237] (f) 서열번호: 281에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 282에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 283에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 284에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 285에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 286에 나타낸 CDR-L3;
- [0238] (g) 서열번호: 291에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 292에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 293에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 294에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 295에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 296에 나타낸 CDR-L3;
- [0239] (h) 서열번호: 301에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 302에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 303에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 304에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 305에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 306에 나타낸 CDR-L3;
- [0240] (i) 서열번호: 391에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 392에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 393에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 394에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 395에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 396에 나타낸 CDR-L3;
- [0241] (k) 서열번호: 401에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 402에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 403에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 404에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 405에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 406에 나타낸 CDR-L3;
- [0242] (l) 서열번호: 411에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 412에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 413에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 414에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 415에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 416에 나타낸 CDR-L3;
- [0243] (m) 서열번호: 421에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 422에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 423에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 424에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 425에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 426에 나타낸 CDR-L3;
- [0244] (n) 서열번호: 431에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 432에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 433에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 434에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 435에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 436에 나타낸 CDR-L3CDR-H1;

- [0245] (o) 서열번호: 441에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 442에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 443에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 444에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 445에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 446에 나타낸 CDR-L3;
- [0246] (p) 서열번호: 451에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 452에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 453에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 454에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 455에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 456에 나타낸 CDR-L3;
- [0247] (q) 서열번호: 461에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 462에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 463에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 464에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 465에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 466에 나타낸 CDR-L3;
- [0248] (r) 서열번호: 471에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 472에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 473에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 474에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 475에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 476에 나타낸 CDR-L3;
- [0249] (s) 서열번호: 481에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 482에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 483에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 484에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 485에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 486에 나타낸 CDR-L3;
- [0250] (t) 서열번호: 491에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 492에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 493에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 494에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 495에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 496에 나타낸 CDR-L3; 및
- [0251] (u) 서열번호: 501에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 502에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 503에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 504에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 505에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 506에 나타낸 CDR-L3.
- [0252] 또 다른 구체예에서, 상기 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 237, 서열번호: 247, 서열번호: 257, 서열번호: 267, 서열번호: 277, 서열번호: 287, 서열번호: 297, 서열번호: 307, 서열번호: 397, 서열번호: 407, 서열번호: 417, 서열번호: 427, 서열번호: 437, 서열번호: 447, 서열번호: 457, 서열번호: 467, 서열번호: 477, 서열번호: 487, 서열번호: 497, 및 서열번호: 507에 나타낸 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함한다.
- [0253] 또 다른 구체예에서, 상기 결합 분자의 제1 결합 서열번호: 238, 서열번호: 248, 서열번호: 258, 서열번호: 268, 서열번호: 278, 서열번호: 288, 서열번호: 298, 서열번호: 308, 서열번호: 398, 서열번호: 408, 서열번호: 418, 서열번호: 428, 서열번호: 438, 서열번호: 448, 서열번호: 458, 서열번호: 468, 서열번호: 478, 서열번호: 488, 서열번호: 498, 및 서열번호: 508에 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함한다.
- [0254] 한 구체예에서, 상기 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함한다:
- [0255] a) 서열번호: 237에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 238에 나타낸 VL 영역;
- [0256] (b) 서열번호: 247에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 248에 나타낸 VL 영역;
- [0257] (c) 서열번호: 257에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 258에 나타낸 VL 영역;
- [0258] (d) 서열번호: 267에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 268에 나타낸 VL 영역;
- [0259] (e) 서열번호: 277에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 278에 나타낸 VL 영역;
- [0260] (f) 서열번호: 287에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 288에 나타낸 VL 영역;
- [0261] (g) 서열번호: 297에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 298에 나타낸 VL 영역;
- [0262] (h) 서열번호: 307에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 308에 나타낸 VL 영역;
- [0263] (i) 서열번호: 397에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 398에 나타낸 VL 영역;;
- [0264] (k) 서열번호: 407에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 408에 나타낸 VL 영역;
- [0265] (l) 서열번호: 417에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 418에 나타낸 VL 영역;

- [0266] (m) 서열번호: 427에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 428에 나타낸 VL 영역;
- [0267] (n) 서열번호: 437에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 438에 나타낸 VL 영역;
- [0268] (o) 서열번호: 447에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 448에 나타낸 VL 영역;
- [0269] (p) 서열번호: 457에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 458에 나타낸 VL 영역;
- [0270] (q) 서열번호: 467에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 468에 나타낸 VL 영역;
- [0271] (r) 서열번호: 477에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 478에 나타낸 VL 영역;
- [0272] (s) 서열번호: 487에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 488에 나타낸 VL 영역;
- [0273] (t) 서열번호: 497에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 498에 나타낸 VL 영역; 및
- [0274] (u) 서열번호: 507에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 508에 나타낸 VL 영역.
- [0275] 일예에서, 상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 239, 서열번호: 249, 서열번호: 259, 서열번호: 269, 서열번호: 279, 서열번호: 289, 서열번호: 299, 서열번호: 309, 서열번호: 399, 서열번호: 409, 서열번호: 419, 서열번호: 429, 서열번호: 439, 서열번호: 449, 서열번호: 459, 서열번호: 469, 서열번호: 479, 서열번호: 489, 서열번호: 499, 및 서열번호: 509로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함한다.
- [0276] 바람직한 CDR-H1은 아미노산 서열 dyyin로 나타난다. 바람직한 CDR-H2은 아미노산 서열 wiyfasgnseyqnkftg로 나타난다. 바람직한 CDR-H3은 아미노산 서열 LYDYDWYFDV로 나타난다. 바람직한 CDR-L1은 아미노산 서열 kssqslvhsngntyih로 나타난다. 바람직한 CDR-L2은 아미노산 서열 kvsnrfs로 나타난다. 바람직한 CDR-L2은 아미노산 서열 aetshvpwt 또는 sqssiypwt로 나타난다.
- [0277] 서열번호: 300로 나타낸 아미노산 서열을 갖는 결합 분자가 바람직하다. 또한 서열번호: 500으로 나타낸 아미노산 서열을 갖는 결합 분자가 바람직하다.
- [0278] 추가로, 본 발명은 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA에 결합할 수 있는 결합 분자, 바람직하게는 항체의 생성을 위한 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4의 용도에 관한 것이다. BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4은 바람직하게는 서열번호: 1002에 나타낸 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41 및 42 내지 54 각각에 상응한다.
- [0279] 또한, 본 발명은 다음을 포함하는 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA에 결합할 수 있는, 항체, 바람직하게는 이중특이적 결합 분자의 생성 방법을 제공한다:
- [0280] (a) BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 에피토프 클러스터 4를 포함하는 폴리펩타이드로 동물을 면역화시키고,
- [0281] (b) 상기 항체를 얻고,
- [0282] (c) 선택적으로 상기 항체를 인간 BCMA 및 바람직하게는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 이중특이적 결합 분자로 전환시키는 것을 포함하며,
- [0283] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4는 서열번호: 1002에 나타낸 서열의 아미노산 잔기 24 내지 41 및 42 내지 54에 상응한다.
- [0284] 바람직하게는, 단계(b)는 얻어진 항체를 다음과 같이 시험하는 것을 포함한다:



- [0285] 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 무린무린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 3 및/또는 4가 각각의 무린 에피토프 클러스터로 대체되어 있는, 인간 BCMA를 포함하는 구조체가 생성), 항체의 결합에 감소가 발생할 것이다. 상기 감소는 인간 BCMA 단백질 내 에피토프 클러스터 3 및 4에 결합하는 것을 100%로 예정할 때, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터와 비교하여 바람직하게는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%; 보다 바람직하게는 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 100%이다. 앞서 언급한 인간 BCMA/무린무린 BCMA 키메라는 CHO 세포에서 발현되는 것이 고려된다. 또한 적어도 하나의 인간 BCMA/무린무린 BCMA 키메라는 EpCAM과 같은 상이한 막-결합 단백질의 막관통 도메인 및/또는 세포질성 도메인과 융합되는 것이 고려된다; 도 2a 참조. 비-인간 (예컨대, 무린) BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로의 교체로 인한 결합의 이러한 손실을 시험하는 방법은 첨부된 실시예 A, 특히 실시예 A1-A3에 기재되어 있다.
- [0286] 상기 방법은 추가로 항체가 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및 4에 결합하는지 그리고 추가로 *Macaca mulatta* 또는 *Macaca fascicularis* 와 같은 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 3 및/또는 4(서열번호: 1017 및 121)에 결합할 수 있는지를 시험하는 것을 포함할 수 있다.
- [0287] 결합 분자의 두번째 그룹 (B)
- [0288] 결합 분자의 두 번째 그룹은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기에서 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 세포외 도메인 및 무린무린 BCMA의 세포외 도메인에 결합할 수 있고, 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있다.
- [0289] 따라서, 본 발명의 두 번째 그룹의 제1 양태는 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자를 제공하며, 여기에서
- [0290] (a) 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 세포외 도메인 및 무린 BCMA의 세포외 도메인에 결합할 수 있고;
- [0291] (b) 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있으며;
- [0292] 여기에서 인간 BCMA의 세포외 도메인은 서열번호: 1007에 나타난 아미노산 서열에 상응하고, 무린 BCMA의 세포외 도메인은 서열번호: 1008에 나타난 아미노산 서열에 상응한다.
- [0293] 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 세포외 도메인 및 무린 BCMA의 세포외 도메인에 결합할 수 있다. 인간 BCMA의 세포외 도메인 (서열번호: 1007에 나타난 아미노산 서열)은 서열번호: 1002에 나타난 인간 BCMA 전장 폴리펩타이드의 아미노산 잔기 1-54에 상응한다. 무린 BCMA의 세포외 도메인(서열번호: 1008에 나타난 아미노산 서열)은 서열번호: 1004에 나타난 무린 BCMA 전장 폴리펩타이드의 아미노산 잔기 1-49에 상응한다.
- [0294] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 *Macaca mulatta*의 BCMA (서열번호:1017) 또는 *Macaca fascicularis* 의 BCMA (서열번호:1017)와 같은 마카크 BCMA에 추가로 결합한다.
- [0295] 본 발명의 한 양태에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 *Callithrix jacchus*, *Saguinus oedipus* 및/또는 *Saimiri sciureus* BCMA에 추가로 또는 대신하여 결합할 수 있다.
- [0296] 인간 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는  $\leq 15$  nM, 보다 바람직하게는  $\leq 10$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 5$  nM, 가장 바람직하게는  $\leq 1$  nM이다.
- [0297] 한 구체예에서, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-

H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함한다:

- [0298] (a) 서열번호: 81에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 82에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 83에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 84에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 85에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 86에 나타낸 CDR-L3;
- [0299] (b) 서열번호: 91에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 92에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 93에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 94에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 95에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 96에 나타낸 CDR-L3;
- [0300] (c) 서열번호: 101에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 102에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 103에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 104에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 105에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 106에 나타낸 CDR-L3;
- [0301] (d) 서열번호: 111에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 112에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 113에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 114에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 115에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 116에 나타낸 CDR-L3;
- [0302] (e) 서열번호: 121에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 122에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 123에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 124에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 125에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 126에 나타낸 CDR-L3;
- [0303] (f) 서열번호: 131에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 132에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 133에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 134에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 135에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 136에 나타낸 CDR-L3;
- [0304] (g) 서열번호: 141에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 142에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 143에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 144에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 145에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 146에 나타낸 CDR-L3; 및
- [0305] (h) 서열번호: 151에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 152에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 153에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 154에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 155에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 156에 나타낸 CDR-L3.
- [0306] 또 다른 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 87, 서열번호: 97, 서열번호: 107, 서열번호: 117, 서열번호: 127, 서열번호: 137, 서열번호: 147 및 서열번호: 157에 나타낸 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함한다.
- [0307] 또 다른 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 88, 서열번호: 98, 서열번호: 108, 서열번호: 118, 서열번호: 128, 서열번호: 138, 서열번호: 148 및 서열번호: 158에 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함한다.
- [0308] 한 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함한다:
- [0309] (a) 서열번호: 87에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 88에 나타낸 VL 영역;
- [0310] (b) 서열번호: 97에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 98에 나타낸 VL 영역;
- [0311] (c) 서열번호: 107에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 108에 나타낸 VL 영역;
- [0312] (d) 서열번호: 117에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 118에 나타낸 VL 영역;
- [0313] (e) 서열번호: 127에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 128에 나타낸 VL 영역;
- [0314] (f) 서열번호: 137에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 138에 나타낸 VL 영역;
- [0315] (g) 서열번호: 147에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 148에 나타낸 VL 영역; 및
- [0316] (h) 서열번호: 157에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 158에 나타낸 VL 영역.
- [0317] 일예에서, 제1 결합 도메인은 서열번호: 89, 서열번호: 99, 서열번호: 109, 서열번호: 119, 서열번호: 129, 서열번호: 139, 서열번호: 149 및 서열번호: 159으로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함한다.

- [0318] 결합 분자의 두 번째 그룹은 하기 항목과 또한 관련된다:
- [0319] 1. (a) 인간 BCMA의 세포외 도메인 및 뮤린 BCMA의 세포외 도메인에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인 ; 및
- [0320] (b) T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자:
- [0321] 여기서, 인간 BCMA의 세포외 도메인은 서열번호: 1007에 나타난 아미노산 서열에 상응하고, 뮤린 BCMA의 세포외 도메인은 서열번호: 1008에 나타난 아미노산 서열에 상응한다.
- [0322] 2. 제1 결합 도메인은 추가로 마카크 BCMA에 결합할 수 있는 것인 항목 1에 따른 결합 분자.
- [0323] 3. 제2 결합 도메인은 CD3 앵실론, 바람직하게는 인간 CD3 앵실론에 결합할 수 있는 것인 항목 1 또는 2에 따른 결합 분자.
- [0324] 4. 제1 및/또는 제2 결합 도메인은 항체로부터 유래한 것인 항목 1 내지 3 중 어느 하나에 따른 결합 분자.
- [0325] 5.  $(scFv)_2$ , (단일 도메인 mAb) $_2$ , scFv-단일 도메인 mAb, 디아바디 및 그의 올리고머로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 항목 4에 따른 결합 분자.
- [0326] 6. 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 5 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자:
- [0327] (a) 서열번호: 81에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 82에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 83에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 84에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 85에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 86에 나타난 CDR-L3;
- [0328] (b) 서열번호: 91에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 92에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 93에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 94에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 95에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 96에 나타난 CDR-L3;
- [0329] (c) 서열번호: 101에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 102에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 103에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 104에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 105에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 106에 나타난 CDR-L3;
- [0330] (d) 서열번호: 111에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 112에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 113에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 114에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 115에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 116에 나타난 CDR-L3;
- [0331] (e) 서열번호: 121에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 122에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 123에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 124에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 125에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 126에 나타난 CDR-L3;
- [0332] (f) 서열번호: 131에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 132에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 133에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 134에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 135에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 136에 나타난 CDR-L3;
- [0333] (g) 서열번호: 141에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 142에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 143에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 144에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 145에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 146에 나타난 CDR-L3; 및
- [0334] (h) 서열번호: 151에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 152에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 153에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 154에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 155에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 156에 나타난 CDR-L3.

- [0335] 7. 서열번호: 87, 서열번호: 97, 서열번호: 107, 서열번호: 117, 서열번호: 127, 서열번호: 137, 서열번호: 147 및 서열번호: 157. 제1 결합 도메인은 서열번호: 87, 서열번호: 97, 서열번호: 107, 서열번호: 117, 서열번호: 127, 서열번호: 137, 서열번호: 147 및 서열번호: 157에 나타난 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 6 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자.
- [0336] 8. 제1 결합 도메인은 서열번호: 88, 서열번호: 98, 서열번호: 108, 서열번호: 118, 서열번호: 128, 서열번호: 138, 서열번호: 148 및 서열번호: 158에 나타난 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 7 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자.
- [0337] 9. 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 8 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자:
- [0338] (a) 서열번호: 87에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 88에 나타난 VL 영역;
- [0339] (b) 서열번호: 97에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 98에 나타난 VL 영역;
- [0340] (c) 서열번호: 107에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 108에 나타난 VL 영역;
- [0341] (d) 서열번호: 117에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 118에 나타난 VL 영역;
- [0342] (e) 서열번호: 127에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 128에 나타난 VL 영역;
- [0343] (f) 서열번호: 137에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 138에 나타난 VL 영역;
- [0344] (g) 서열번호: 147에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 148에 나타난 VL 영역; 및
- [0345] (h) 서열번호: 157에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 158에 나타난 VL 영역.
- [0346] 10. 제1 결합 도메인은 서열번호: 89, 서열번호: 99, 서열번호: 109, 서열번호: 119, 서열번호: 129, 서열번호: 139, 서열번호: 149 및 서열번호: 159으로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 것인, 항목 9에 따른 결합 분자.
- [0347] 11. 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열.
- [0348] 12. 항목 11에 정의된 핵산 서열을 포함하는 벡터.
- [0349] 13. 항목 11에 정의된 핵산 서열 또는 항목 12에 정의된 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포.
- [0350] 14. 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 정의된 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 항목 13에 정의된 숙주 세포를 배양하고 배양액으로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함하는, 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 따른 결합 분자의 생산 방법.
- [0351] 15. 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 14의 생산 방법에 따라 생산된 결합 분자를 포함하는 약학적 조성물.
- [0352] 16. 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선에 사용하기 위한 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목

14 에 따라 생산된 결합 분자.

[0353] 17. 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 14 에 따라 생산된 결합 분자를, 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 치료 또는 개선 방법.

[0354] 18. 형질세포 장애는 다발골수종, 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수의 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 및 무증상 다발골수종으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 항목 17에 따른 방법.

[0355] 19. 자가면역 질환은 전신홍반성 낭창인 항목 17에 따른 방법.

[0356] 20. 항목 1 내지 10 중 어느 하나에 정의된 결합 분자, 항목 11에 정의된 핵산 분자, 항목 12에 정의된 벡터 및/또는 항목 13에 정의된 숙주 세포를 포함하는 키트.

[0357] 결합 분자의 세번째 그룹 (C)

[0358] 결합 분자의 세번째 그룹은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하며, 여기에서 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합할 수 있고, 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 결합 분자에 관한 것이다.

[0359] 따라서, 제1 양태에서, 본 발명은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자를 제공하며, 여기에서

[0360] (a) 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 1 (mlqmagq) (서열번호: 1018) 및 4 (NASVTNSVKGTNA) (서열번호: 1019) 에 결합할 수 있고;

[0361] (b) 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있으며;

[0362] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 1은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7에 상응하며, BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응한다.

[0363] 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4에 공통적으로 결합할 수 있는 것으로 또한 고려된다.

[0364] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA ECD 의 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합할 수 있다. 따라서, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 무린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 1 및/또는 4가 각각의 무린 에피토프 클러스터로 대체되어 있는, 인간 BCMA를 포함하는 구조체가 생성; 각각 예시적으로 서열번호: 1009 및 1012 참조), 결합 도메인의 결합에 감소가 발생할 수 있다. 상기 감소는 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터에 결합하는 것을 100%로 예정할 때, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터와 비교하여 바람직하게는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%; 보다 바람직하게는 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 100%이다. 앞서 언급한 인간 BCMA/무린 BCMA 키메라는 CHO 세포에서 발현되는 것이 고려된다. 또한 적어도 하나의 인간 BCMA/무린 BCMA 키메라, 바람직하게는 무린 E1/인간 BCMA 키메라는 EpCAM과 같은 상이한 막-결합 단백질의 막관통 도메인 및/또는 세포질성 도메인과 융합되는 것이 고려된다; 도 2a 참조.



- [0365] 비-인간 (예컨대, 무린) BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로의 교체로 인한 결합의 이러한 손실을 시험하는 방법은 첨부된 실시예, 특히 실시예 C1-3에 기재되어 있다.
- [0366] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합할 수 있고 추가로 *Macaca mulatta* 또는 *Macaca fascicularis* 와 같은 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및/또는 4 (서열번호: 1020 및 1021, 각각)에 결합할 수 있다. 제1 결합 도메인은 무린 BCMA에 결합하지 않는 것으로 고려된다.
- [0367] 따라서, 한 구체예에서, 서열번호: 1002에 나타난 인간 서열의, 아미노산 잔기 1 내지 7 및 아미노산 잔기 42 내지 54 각각에 의해 형성된 BCMA의 세포외 단백질 도메인의 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합하는 결합 도메인은, 또한 마카크 BCMA, 특히 서열번호: 1006에 나타난 마카크 BCMA 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7 및 41 내지 53 각각에 의해 형성된 BCMA의 세포외 단백질 도메인의 에피토프 클러스터 1 및/또는 4에 결합할 수 있다.
- [0368] 한 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합할 수 있고, 여기에서 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4는 서열번호: 1002(인간 BCMA 전장 폴리펩타이드) 또는 서열번호: 1007 (인간 BCMA 세포외 도메인: 서열번호: 1002의 아미노산 1-54)에 나타난 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7 및 42 내지 54에 각각 상응한다.
- [0369] 본 발명의 한 양태에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 *Callithrix jacchus*, *Saguinus oedipus* 및/또는 *Saimiri sciureus* BCMA의 에피토프 클러스터1 및/또는 4 에 추가로 또는 대신하여 결합할 수 있다.
- [0370] 인간 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는  $\leq 15$  nM, 보다 바람직하게는  $\leq 10$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 5$  nM, 가장 바람직하게는  $\leq 1$  nM이다.
- [0371] 한 구체예에서, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함한다:
- [0372] (a) 서열번호: 511에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 512에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 513에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 514에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 515에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 516에 나타난 CDR-L3;
- [0373] (b) 서열번호: 521에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 522에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 523에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 524에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 525에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 526에 나타난 CDR-L3;
- [0374] (c) 서열번호: 531에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 532에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 533에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 534에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 535에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 536에 나타난 CDR-L3;
- [0375] (d) 서열번호: 541에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 542에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 543에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 544에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 545에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 546에 나타난 CDR-L3;
- [0376] (e) 서열번호: 551에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 552에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 553에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 554에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 555에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 556에 나타난 CDR-L3;
- [0377] (f) 서열번호: 561에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 562에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 563에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 564에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 565에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 566에 나타난 CDR-L3; 및
- [0378] (g) 서열번호: 571에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 572에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 573에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 574에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 575에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 576에 나타난 CDR-L3.
- [0379] 또 다른 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 517, 서열번호: 527, 서열번호: 537, 서열번호: 547, 서열번호: 557, 서열번호: 567, 및 서열번호: 577 에 나타난 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함한다..

- [0380] 또 다른 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 518, 서열번호: 528, 서열번호: 538, 서열번호: 548, 서열번호: 558, 서열번호: 568, 및 서열번호: 578 에 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함한다..
- [0381] 한 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함한다:
- [0382] (a) 서열번호: 517에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 518에 나타낸 VL 영역;
- [0383] (b) 서열번호: 527에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 528에 나타낸 VL 영역;
- [0384] (c) 서열번호: 537에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 538에 나타낸 VL 영역;
- [0385] (d) 서열번호: 547에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 548에 나타낸 VL 영역;
- [0386] (e) 서열번호: 557에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 558에 나타낸 VL 영역;
- [0387] (f) 서열번호: 567에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 568에 나타낸 VL 영역; 및
- [0388] (g) 서열번호: 577에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 578에 나타낸 VL 영역.
- [0389] 일예에서, 제1 결합 도메인은 서열번호: 519, 서열번호: 529, 서열번호: 539, 서열번호: 549, 서열번호: 559, 서열번호: 569, 및 서열번호: 579 으로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함한다.
- [0390] 추가로, 본 발명은 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA에 결합할 수 있는 결합 분자, 바람직하게는 항체의 생성을 위한 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4의 용도에 관한 것이다. BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4은 바람직하게는 서열번호: 1002에 나타낸 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7 및 42 내지 54 각각에 상응한다.
- [0391] 또한, 본 발명은 다음을 포함하는 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA에 결합할 수 있는, 이중특이적 결합 분자, 바람직하게는 항체의 생성 방법을 제공한다:
- [0392] (a) BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA 의 에피토프 클러스터 1 및 에피토프 클러스터 4를 포함하는 폴리펩타이드로 동물을 면역화시키고,
- [0393] (b) 상기 항체를 얻고,
- [0394] (c) 선택적으로 상기 항체를 인간 BCMA 및 바람직하게는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 이중특이적 결합 분자로 전환시키는 것을 포함하며,
- [0395] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4는 서열번호: 1002에 나타낸 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7 및 42 내지 54 및 42 내지 54에 상응한다.
- [0396] 바람직하게는, 단계(b)는 얻어진 항체를 다음과 같이 시험하는 것을 포함한다:
- [0397] 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 무린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 1 및/또는 4가 각각의 무린 에피토프 클러스터로 대체되어 있는, 인간 BCMA을 포함하는 구조체가 생성), 항체의 결합에 발생할 것이다. 상기 감소는 인간 BCMA 단백질 내 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합하는 것을 100%로 예정할 때, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터와 비교하여 바람직하게는 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%; 보다 바람직하게는 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 심지어 100%이다.
- [0398] 상기 방법은 추가로 항체가 인간 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4에 결합하는지 그리고 추가로 *Macaca mulatta* 또는 *Macaca fascicularis* 와 같은 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및/또는 4에 결합할 수 있는지를 시험하

는 것을 포함할 수 있다.

[0399] 결합 분자의 세번째 그룹은 하기 항목과 또한 관련된다:

- [0400] 1. (a) BCMA의 에피토프 클러스터 1 (mlqmagq) 및 4 (NASVTNSVKGTNA) 에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인 ; 및
- [0401] (b) T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자:
- [0402] 여기에서, BCMA의 에피토프 클러스터 1은 서열번호: 1002에 나타난 아미노산 잔기 1 내지 7에 상응하고, BCMA의 에피토프 클러스터 4은 서열번호: 1002에 나타난 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응한다.
- [0403] 2. 제1 결합 도메인은 추가로 마카크 BCMA의 에피토프 클러스터 1 (mlqmarq) 및 4 (nasmtnsvkgmna) 에 결합할 수 있는 것인 항목 1에 따른 결합 분자.
- [0404] 3. 제2 결합 도메인은 CD3 앵실론에 결합할 수 있는 것인 항목 1 또는 2에 따른 결합 분자.
- [0405] 4. 제2 결합 도메인은 인간 CD3 및 마카크 CD3에 결합할 수 있는 것인 항목 1 내지 3 중 어느 하나에 따른 결합 분자.
- [0406] 5. 제1 및/또는 제2 결합 도메인은 항체로부터 유래한 것인 항목 1 내지 4 중 어느 하나에 따른 결합 분자.
- [0407] 6. (scFv)<sub>2</sub>, (단일 도메인 mAb)<sub>2</sub>, scFv-단일 도메인 mAb, 디아바디 및 그의 올리고머로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 항목 6에 따른 결합 분자.
- [0408] 7. 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 6 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자:
- [0409] (a) 서열번호: 511에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 512에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 513에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 514에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 515에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 516에 나타난 CDR-L3;
- [0410] (b) 서열번호: 521에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 522에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 523에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 524에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 525에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 526에 나타난 CDR-L3;
- [0411] (c) 서열번호: 531에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 532에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 533에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 534에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 535에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 536에 나타난 CDR-L3;
- [0412] (d) 서열번호: 541에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 542에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 543에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 544에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 545에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 546에 나타난 CDR-L3;
- [0413] (e) 서열번호: 551에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 552에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 553에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 554에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 555에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 556에 나타난 CDR-L3;
- [0414] (f) 서열번호: 561에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 562에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 563에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 564에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 565에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 566에 나타난 CDR-L3; 및

- [0415] (g) 서열번호: 571에 나타낸 CDR-H1, 서열번호: 572에 나타낸 CDR-H2, 서열번호: 573에 나타낸 CDR-H3, 서열번호: 574에 나타낸 CDR-L1, 서열번호: 575에 나타낸 CDR-L2 및 서열번호: 576에 나타낸 CDR-L3.
- [0416] 8. 제1 결합 도메인은 서열번호: 517, 서열번호: 527, 서열번호: 537, 서열번호: 547, 서열번호: 557, 서열번호: 567, 및 서열번호: 577 에 나타낸 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 7 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자.
- [0417] 9. 제1 결합 도메인은 서열번호: 518, 서열번호: 528, 서열번호: 538, 서열번호: 548, 서열번호: 558, 서열번호: 568, 및 서열번호: 578 에 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 8 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자.
- [0418] 10. 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 9 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자:
- [0419] (a) 서열번호: 517에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 518에 나타낸 VL 영역;
- [0420] (b) 서열번호: 527에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 528에 나타낸 VL 영역;
- [0421] (c) 서열번호: 537에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 538에 나타낸 VL 영역;
- [0422] (d) 서열번호: 547에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 548에 나타낸 VL 영역;
- [0423] (e) 서열번호: 557에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 558에 나타낸 VL 영역;
- [0424] (f) 서열번호: 567에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 568에 나타낸 VL 영역; 및
- [0425] (g) 서열번호: 577에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 578에 나타낸 VL 영역.
- [0426] 11. 제1 결합 도메인은 서열번호: 519, 서열번호: 529, 서열번호: 539, 서열번호: 549, 서열번호: 559, 서열번호: 569, 및 서열번호: 579 로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 것인, 항목 10에 따른 결합 분자.
- [0427] 12. 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열.
- [0428] 13. 항목 12에 정의된 핵산 서열을 포함하는 벡터.
- [0429] 14. 항목 12에 정의된 핵산 서열 또는 항목 13에 정의된 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포.
- [0430] 15. 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 정의된 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 항목 14에 정의된 숙주 세포를 배양하고 배양액으로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함하는, 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 따른 결합 분자의 생산 방법.
- [0431] 16. 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 15 의 생산 방법에 따라 생산된 결합 분자를 포함하는 약학적 조성물.
- [0432] 17. 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택

되는 질환의 예방, 치료 또는 개선에 사용하기 위한 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 15 에 따라 생산된 결합 분자.

- [0433] 18. 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 15 에 따라 생산된 결합 분자를, 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 치료 또는 개선 방법.
- [0434] 19. 형질세포 장애는 다발골수종, 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수의 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 및 무증상 다발골수종으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 항목 18에 따른 방법.
- [0435] 20. 자가면역 질환은 전신홍반성 낭창인 항목 18에 따른 방법.
- [0436] 21. 항목 1 내지 11 중 어느 하나에 정의된 결합 분자, 항목 12에 정의된 핵산 분자, 항목 13에 정의된 벡터 및/또는 항목 14에 정의된 숙주 세포를 포함하는 키트.
- [0437] 22. BCMA에 결합할 수 있는 결합분자, 바람직하게는 항체의 생성을 위한 BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 에피토프 클러스터 4의 용도:
- [0438] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 13은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7에 상응하며, BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응한다.
- [0439] 23. a) BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 에피토프 클러스터 4를 포함하는 폴리펩타이드로 동물을 면역화시키고,
- [0440] (b) BCMA에 결합할 수 있는 항체를 얻고,
- [0441] (c) 선택적으로 상기 항체를 인간 BCMA, 및 바람직하게는 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 결합 분자로 전환시키는 것을 포함하며,
- [0442] 여기에서 상기 BCMA의 에피토프 클러스터 1은 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 1 내지 7에 상응하며, BCMA의 에피토프 클러스터 4는 서열번호: 1002에 나타난 서열의 아미노산 잔기 42 내지 54에 상응하는 것인,
- [0443] BCMA에 결합할 수 있는 결합분자, 바람직하게는 항체의 생성 방법.
- [0444] 결합 분자의 네번째 그룹 (D)
- [0445] 결합 분자의 네 번째 그룹은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자에 관한 것으로, 여기에서 제1 결합 도메인은 인간 BCMA의 세포외 도메인 및 인간 BCMA 항원의 에피토프 클러스터 또는 아미노산을 비-인간 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터 또는 아미노산으로 교체하여 생성된 BCMA 의 적어도 하나의 키메라 세포외 도메인에 결합할 수 있고; 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있다.
- [0446] 따라서, 제1 양태에서, 본 발명은 제1 및 제2 결합 도메인을 포함하는 적어도 이중특이적인 결합 분자를 제공하며, 여기에서
- [0447] (a) 제1 결합 도메인은



- [0448] (i) 서열번호: 1007에 나타낸 아미노산 서열에 상응하는 인간 BCMA의 세포외 도메인, 및
- [0449] (ii) 서열번호: 1009, 서열번호: 1010, 서열번호: 1011, 서열번호: 1012, 서열번호: 1013, 서열번호: 1014 및 서열번호: 1015에 나타낸 아미노산 서열에 상응하는 BCMA 도메인으로 이루어진 군으로부터 선택되는 BCMA의 적어도 하나의 키메릭 세포외 도메인에 결합할 수 있고 ;
- [0450] (b) 제2 결합 도메인은 T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있다.
- [0451] 바람직한 구체예에서, 여기에서 (a)(ii)에 정의된 상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 1011에 나타낸 BCMA의 키메릭 세포외 도메인에 적어도 결합할 수 있다. 본 발명에 따른 또 다른 구체예에서, 제1 결합 도메인은 서열번호: 1009, 서열번호: 1010, 서열번호: 1011, 서열번호: 1012, 서열번호: 1013, 서열번호: 1014 및 서열번호: 1015에 나타낸 BCMA의 키메릭 세포외 도메인 중 둘, 셋, 넷, 다섯, 여섯 또는 모두에 결합할 수 있다. 이 구체예의 맥락에서, 하나 이상의 다른 키메릭 세포외 도메인과 조합하여 서열번호: 1011에 나타낸 BCMA의 키메릭 세포외 도메인에 결합하는 것이 바람직하다.
- [0452] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 인간 BCMA, 바람직하게는 인간 BCMA ECD 의 에피토프 클러스터 1 내지 7에 결합할 수 있다. 예를 들어, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 무린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 1 및/또는 4가 각각의 무린 에피토프 클러스터로 대체되어 있는, 인간 BCMA를 포함하는 구조체가 생성; 각각 예시적으로 서열번호: 1009 및 1012 참조), 결합 도메인은 여전히 결합할 수 있다.
- [0453] 제1 결합 도메인이 각각의 가능한 조합으로 인간 BCMA ECD 내에 앞서 언급한 하나 이상의 무린 에피토프 클러스터를 포함하는 키메릭 BCMA 구조체에 결합할 수 있는 것이 고려된다. 예를 들어, 인간 BCMA 단백질 내 각각의 에피토프 클러스터가 무린 BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로 교체될 때 (인간 에피토프 클러스터 3이 각각의 무린 에피토프 클러스터로 대체되어 있는, 인간 BCMA를 포함하는 구조체가 생성; 예시적으로 서열번호: 1011 참조), 결합 도메인은 여전히 결합할 수 있다. 인간 BCMA ECD 내 하나 이상의 에피토프 클러스터가 각각의 무린 에피토프 클러스터로 교체될 때, 키메릭 내의 적어도 하나의 에피토프 클러스터는 여전히 인간 BCMA ECD로부터인 것이 바람직하며, 바람직하게는 에피토프 클러스터1, 2, 3 및 4로부터 선택되는 적어도 하나, 둘, 셋 또는 네 개의 에피토프 클러스터가 인간 BCMA ECD로부터이다.
- [0454] 앞서 언급한 인간 BCMA/무린 BCMA 키메릭은 CHO 세포에서 발현되는 것이 고려된다. 또한 적어도 하나의 인간 BCMA/무린 BCMA 키메릭, 바람직하게는 무린 E1/인간 BCMA 키메릭은 EpCAM과 같은 상이한 막-결합 단백질의 막관통 도메인 및/또는 세포질성 도메인과 융합되는 것이 고려된다; 도 2a 참조.
- [0455] 비-인간 (예컨대, 무린) BCMA 항원의 각각의 에피토프 클러스터로의 교체로 인한 결합을 시험하는 방법은 첨부된 실시예, 특히 실시예 D1-3에 기재되어 있다.
- [0456] 한 양태에서, 본 발명에 따른 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 1008에 나타낸 아미노산 서열에 상응하는 무린 BCMA의 세포외 도메인에 결합할 수 없는 것이 바람직하다.
- [0457] 용어 "결합할 수 없다"는 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인이 무린 BCMA에 결합할 수 없음을, 즉, 바람직하게는 첨부된 실시예에서 적용된 조건 하에서 무린 키메릭/무린 키메릭 0% 이상, 바람직하게는 20% 이상, 보다 바람직하게는 10% 이상, 특히 바람직하게는 9%, 8%, 7%, 6% 또는 5% 이상의 반응성을 보이지 않음을 의미한다.
- [0458] 특이적 결합은 항원과 결합 도메인의 아미노산 서열 내 특이적 모티프에 의해 영향을 받는 것으로 여겨진다. 따라서, 결합은 그들의 일차, 이차 및/또는 3차 구조 및 상기 구조의 2차적인 변형의 결과로서 달성된다. 항원-상호작용-부위와 그의 특이적인 항원과의 특이적인 상호작용은 항원에 대한 상기 부위의 단순한 결합으로 나타날 수 있다. 또한, 항원-상호작용-부위와 그의 특이적인 항원과의 특이적인 상호작용은 대체적으로 또는 추가로 예

컨대, 항원의 구조의 변화, 항원의 올리고머화 등의 유도로 인한 신호의 개시로 나타날 수도 있다.

- [0459] 한 양태에서, 본 발명의 제1 결합 도메인은 *Macaca mulatta* 또는 *Macaca fascicularis*와 같은 마카크 BCMA (각각, 서열번호:1020 및 1021)에 추가로 결합할 수 있다. 또한 제1 결합 도메인은 무린 BCMA에 결합하지 않는 것이 고려된다.
- [0460] 인간 BCMA에 대한 제1 결합 도메인의 친화력은 바람직하게는  $\leq 15$  nM, 보다 바람직하게는  $\leq 10$  nM, 보다 더 바람직하게는  $\leq 5$  nM, 가장 바람직하게는  $\leq 1$  nM이다.
- [0461] 한 구체예에서, 본 발명의 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함한다:
- [0462] (a) 서열번호: 841에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 842에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 843에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 844에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 845에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 846에 나타난 CDR-L3;
- [0463] (b) 서열번호: 851에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 852에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 853에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 854에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 855에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 856에 나타난 CDR-L3;
- [0464] (c) 서열번호: 861에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 862에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 863에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 864에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 865에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 866에 나타난 CDR-L3;
- [0465] (d) 서열번호: 871에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 872에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 873에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 874에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 875에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 876에 나타난 CDR-L3;
- [0466] (e) 서열번호: 881에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 882에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 883에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 884에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 885에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 886에 나타난 CDR-L3;
- [0467] (f) 서열번호: 891에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 892에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 893에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 894에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 895에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 896에 나타난 CDR-L3;
- [0468] (g) 서열번호: 901에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 902에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 903에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 904에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 905에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 906에 나타난 CDR-L3;
- [0469] (h) 서열번호: 911에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 912에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 913에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 914에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 915에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 916에 나타난 CDR-L3;
- [0470] (i) 서열번호: 921에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 922에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 923에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 924에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 925에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 926에 나타난 CDR-L3;
- [0471] (k) 서열번호: 931에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 932에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 933에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 934에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 935에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 936에 나타난 CDR-L3;
- [0472] (l) 서열번호: 941에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 942에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 943에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 944에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 945에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 946에 나타난 CDR-L3; 및
- [0473] (m) 서열번호: 951에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 952에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 953에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 954에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 955에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 956에 나타난 CDR-L3.
- [0474] 또 다른 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 847, 서열번호: 857, 서열번호: 867, 서열번호: 877, 서열번호: 887, 서열번호: 897, 서열번호: 907, 서열번호: 917, 서열번호: 927, 서열번호: 937, 서열번호: 947, 및 서열번호: 957 에 나타난 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함한다..
- [0475] 또 다른 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 서열번호: 848, 서열번호: 858, 서열번호: 868, 서열번호:

호: 878, 서열번호: 888, 서열번호: 898, 서열번호: 908, 서열번호: 918, 서열번호: 928, 서열번호: 938, 서열번호: 948, 및 서열번호: 958 에 나타낸 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함한다..

[0476] 한 구체예에서, 결합 분자의 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함한다:

- [0477] (a) 서열번호: 847에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 848에 나타낸 VL 영역;
- [0478] (b) 서열번호: 857에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 858에 나타낸 VL 영역;
- [0479] (c) 서열번호: 867에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 868에 나타낸 VL 영역;
- [0480] (d) 서열번호: 877에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 878에 나타낸 VL 영역;
- [0481] (e) 서열번호: 887에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 888에 나타낸 VL 영역;
- [0482] (f) 서열번호: 897에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 898에 나타낸 VL 영역;
- [0483] (g) 서열번호: 907에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 908에 나타낸 VL 영역;
- [0484] (h) 서열번호: 917에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 918에 나타낸 VL 영역;
- [0485] (i) 서열번호: 927에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 928에 나타낸 VL 영역;
- [0486] (k) 서열번호: 937에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 938에 나타낸 VL 영역;
- [0487] (l) 서열번호: 947에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 948에 나타낸 VL 영역; 및
- [0488] (m) 서열번호: 957에 나타낸 VH 영역, 및 서열번호: 958에 나타낸 VL 영역.

[0489] 일예에서, 상기 제1 결합 도메인은 서열번호: 849, 서열번호: 859, 서열번호: 869, 서열번호: 879, 서열번호: 889, 서열번호: 899, 서열번호: 909, 서열번호: 919, 서열번호: 929, 서열번호: 939, 서열번호: 949, 및 서열번호: 959 로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함한다.

[0490] 결합 분자의 네번째 그룹은 하기 항목과 또한 관련된다:

- [0491] 1. (a) (i) 서열번호: 1007에 나타낸 아미노산 서열에 상응하는 인간 BCMA의 세포의 도메인, 및
- [0492] (ii) 서열번호: 1009, 서열번호: 1010, 서열번호: 1011, 서열번호: 1012, 서열번호: 1013, 서열번호: 1014 및 서열번호: 1015에 나타낸 아미노산 서열에 상응하는BCMA 도메인으로 이루어진 군으로부터 선택되는 BCMA의 적어도 하나의 키메릭 세포의 도메인에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인; 및
- [0493] (b) T 세포 CD3 수용체 복합체에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인
- [0494] 을 포함하는 결합 분자.
- [0495] 2. 제1 결합 도메인은 추가로 마카크 BCMA에 결합할 수 있는 것인 항목 1에 따른 결합 분자.
- [0496] 3. 제2 결합 도메인은 CD3 앵글론에 결합할 수 있는 것인 항목 1 또는 2에 따른 결합 분자.
- [0497] 4. 제2 결합 도메인은 인간 CD3 및 마카크 CD3에 결합할 수 있는 것인 항목 1 내지 3 중 어느 하나에 따른 결합 분자.

- [0498] 5. 제1 결합 도메인은 서열번호: 1008에 나타난 아미노산 서열에 상응하는 류린 BCMA의 세포외 도메인에 결합할 수 없는 것인 항목 1 내지 4 중 어느 하나에 따른 결합 분자.
- [0499] 6. 제1 및/또는 제2 결합 도메인은 항체로부터 유래한 것인 항목 1 내지 5 중 어느 하나에 따른 결합 분자.
- [0500] 7.  $(\text{scFv})_2$ , (단일 도메인 mAb) $_2$ , scFv-단일 도메인 mAb, 디아바디 및 그의 올리고머로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 항목 6에 따른 결합 분자.
- [0501] 8. 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3를 포함하는 VH 영역 및 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3를 포함하는 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 7 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자:
- [0502] (a) 서열번호: 841에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 842에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 843에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 844에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 845에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 846에 나타난 CDR-L3;
- [0503] (b) 서열번호: 851에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 852에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 853에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 854에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 855에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 856에 나타난 CDR-L3;
- [0504] (c) 서열번호: 861에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 862에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 863에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 864에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 865에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 866에 나타난 CDR-L3;
- [0505] (d) 서열번호: 871에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 872에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 873에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 874에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 875에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 876에 나타난 CDR-L3;
- [0506] (e) 서열번호: 881에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 882에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 883에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 884에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 885에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 886에 나타난 CDR-L3;
- [0507] (f) 서열번호: 891에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 892에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 893에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 894에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 895에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 896에 나타난 CDR-L3;
- [0508] (g) 서열번호: 901에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 902에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 903에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 904에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 905에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 906에 나타난 CDR-L3;
- [0509] (h) 서열번호: 911에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 912에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 913에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 914에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 915에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 916에 나타난 CDR-L3;
- [0510] (i) 서열번호: 921에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 922에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 923에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 924에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 925에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 926에 나타난 CDR-L3;
- [0511] (k) 서열번호: 931에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 932에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 933에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 934에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 935에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 936에 나타난 CDR-L3;
- [0512] (l) 서열번호: 941에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 942에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 943에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 944에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 945에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 946에 나타난 CDR-L3; 및
- [0513] (m) 서열번호: 951에 나타난 CDR-H1, 서열번호: 952에 나타난 CDR-H2, 서열번호: 953에 나타난 CDR-H3, 서열번호: 954에 나타난 CDR-L1, 서열번호: 955에 나타난 CDR-L2 및 서열번호: 956에 나타난 CDR-L3.
- [0514] 9. 제1 결합 도메인은 서열번호: 847, 서열번호: 857, 서열번호: 867, 서열번호: 877, 서열번호: 887, 서열번호: 897, 서열번호: 907, 서열번호: 917, 서열번호: 927, 서열번호: 937, 서열번호: 947, 및 서열번호: 957 에 나타난 VH 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VH 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 8 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자.

- [0515] 10. 제1 결합 도메인은 서열번호: 848, 서열번호: 858, 서열번호: 868, 서열번호: 878, 서열번호: 888, 서열번호: 898, 서열번호: 908, 서열번호: 918, 서열번호: 928, 서열번호: 938, 서열번호: 948, 및 서열번호: 958 에 나타난 VL 영역으로 이루어진 군으로부터 선택되는 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 9 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자..
- [0516] 11. 제1 결합 도메인은 하기 군으로부터 선택되는 VH 영역 및 VL 영역을 포함하는 것인 항목 1 내지 10 중 어느 하나의 항목에 따른 결합 분자:
- [0517] (a) 서열번호: 847에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 848에 나타난 VL 영역;
- [0518] (b) 서열번호: 857에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 858에 나타난 VL 영역;
- [0519] (c) 서열번호: 867에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 868에 나타난 VL 영역;
- [0520] (d) 서열번호: 877에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 878에 나타난 VL 영역;
- [0521] (e) 서열번호: 887에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 888에 나타난 VL 영역;
- [0522] (f) 서열번호: 897에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 898에 나타난 VL 영역;
- [0523] (g) 서열번호: 907에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 908에 나타난 VL 영역;
- [0524] (h) 서열번호: 917에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 918에 나타난 VL 영역;
- [0525] (i) 서열번호: 927에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 928에 나타난 VL 영역;
- [0526] (k) 서열번호: 937에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 938에 나타난 VL 영역;
- [0527] (l) 서열번호: 947에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 948에 나타난 VL 영역; 및
- [0528] (m) 서열번호: 957에 나타난 VH 영역, 및 서열번호: 958에 나타난 VL 영역.
- [0529] 12. 제1 결합 도메인은 서열번호: 849, 서열번호: 859, 서열번호: 869, 서열번호: 879, 서열번호: 889, 서열번호: 899, 서열번호: 909, 서열번호: 919, 서열번호: 929, 서열번호: 939, 서열번호: 949, 및 서열번호: 959 로 이루어진 그룹으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는 것인, 항목 11에 따른 결합 분자..
- [0530] 13. 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 정의된 결합 분자를 코딩하는 핵산 서열.
- [0531] 14. 항목 13에 정의된 핵산 서열을 포함하는 벡터.
- [0532] 15. 항목 14에 정의된 핵산 서열 또는 항목 13에 정의된 벡터로 형질전환 또는 형질감염시킨 숙주 세포.
- [0533] 16. 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 정의된 결합 분자의 발현을 허용하는 조건 하에서 항목 15에 정의된 숙주 세포를 배양하고 배양액으로부터 생산된 결합 분자를 회수하는 것을 포함하는, 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 따른 결합 분자의 생산 방법.
- [0534] 17. 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 16 의 생산 방법에 따라 생산된 결합 분자를 포함하는 약학적 조성물.



- [0535] 18. 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 예방, 치료 또는 개선에 사용하기 위한 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 16 에 따라 생산된 결합 분자.
- [0536] 19. 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 따른 결합 분자 또는 항목 16 에 따라 생산된 결합 분자를, 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 형질세포 장애, BCMA 발현과 관련된 기타 B 세포 장애 및 자가면역 질환으로 이루어진 군으로부터 선택되는 질환의 치료 또는 개선 방법.
- [0537] 20. 형질세포 장애는 다발골수종, 형질세포종, 형질세포성 백혈병, 마크로글로불린혈증, 아밀로이드증, 발덴스트롬 마크로글로불린혈증, 고립골 형질세포종, 골수의 형질세포종, 골경화성 골수종, 중쇄병, 의미불확정 단일클론 감마병증, 및 무증상 다발골수종으로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 항목 19에 따른 방법.
- [0538] 21. 자가면역 질환은 전신홍반성 낭창인 항목 19에 따른 방법.
- [0539] 22. 항목 1 내지 12 중 어느 하나에 정의된 결합 분자, 항목 13에 정의된 핵산 분자, 항목 14에 정의된 벡터 및/또는 항목 15에 정의된 숙주 세포를 포함하는 키트.
- [0540] 여기에서 본 발명은 특정한 방법론, 프로토콜, 또는 시약에 한정되지 않으며 그러한 것들은 다양하게 변할 수 있음을 이해할 것이다. 여기에서 제공된 논의 및 실시예들은 오로지 특정 구체예를 설명하기 위한 목적으로 제시되며 본 발명의 범위를 제한하는 것으로 의도되고, 본 발명의 범위는 오로지 청구항에 의해서만 정의된다.
- [0541] 전술 또는 후술되는, 본 명세서의 본문을 통해 이용된 모든 공개문헌 및 특허(모든 특허, 특허출원, 과학적 공개문헌, 제조사의 설명서, 지시서 등)는 그들 전체로서 참조로 여기에 포함된다. 본 발명이 선행 발명으로 인해 그러한 개시를 앞설 자격이 없다는 시인은 여기에는 전혀 없는 것으로 이해된다. 참조로서 포함된 문헌들이 본 명세서와 모순되거나 일치하지 않는다면 본 명세서는 그러한 문헌들을 대체할 것이다.
- [0542] 도면 및 실시예의 하기 명칭은 앞서 여기에서 기술된 결합 분자의 그룹 (A) 내지 (D) 중 하나와 그들의 연관성을 나타낸다. 다시 말해, 도 A [+숫자] 및 실시예 A [+숫자]는 그룹 (A)를 지칭하고, 도 B [+숫자] 및 실시예 B [+숫자]는 그룹 (B)를 지칭하며, 도 C [+숫자] 및 실시예 C [+숫자]는 그룹 (C)를 지칭하고, 도 D [+숫자] 및 실시예 D [+숫자]는 그룹 (D)를 지칭한다.
- [0543] **실시예:**
- [0544] 하기 실시예는 본 발명을 설명한다. 이들 실시예는 본 발명의 범위를 제한하는 것으로 이해되어서는 안된다. 하기 실시예는 설명하기 위한 목적으로 포함되며 본 발명은 오로지 청구항에 의해서만 정해진다.
- [0545] **실시예 A**
- [0546] **실시예 A1**
- [0547] **키메릭 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성**
- [0548] 키메릭 에피토프 맵핑 분자의 구축을 위하여, 인간 BCMA의 각각의 에피토프 도메인의 아미노산 서열 또는 단일 아미노산 잔기를 묶인 서열로 바꾸었다. 하기의 분자가 구축되었다:
- [0549] ● 인간 BCMA ECD / E1 묶인 (서열번호: 1009)

- [0550] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 에피토프 클러스터 1 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 1-7)은 각각의 류틴 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 1-4)로 교체된다.
- [0551] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 1-3의 결실 및 G6Q 변이
- [0552] ● 인간 BCMA ECD / E2 류틴 (서열번호: 1010)
- [0553] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 에피토프 클러스터 2 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 8-21)는 각각의 류틴 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 5-18)로 교체된다.
- [0554] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 S9F, Q10H, 및 N11S 변이
- [0555] ● 인간 BCMA ECD / E3 류틴 (서열번호: 1011)
- [0556] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 에피토프 클러스터 3 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 24-41)은 각각의 류틴 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 21-36)로 교체된다.
- [0557] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 31 및 32의 결실 및 Q25H, S30N, L35A, 및 R39P 변이
- [0558] ● 인간 BCMA ECD / E4 류틴 (서열번호: 1012)
- [0559] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 에피토프 클러스터 4 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 42-54)는 각각의 류틴 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 37-49)로 교체된다.
- [0560] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 N42D, A43P, N47S, N53Y 및 A54T 변이
- [0561] ● 인간 BCMA ECD / E5 류틴 (서열번호: 1013)
- [0562] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 서열번호: 1002 또는 1007의 22번 위치의 아미노산 잔기 (이소류틴)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류틴 아미노산 잔기(리신, 19번 위치)로 교체된다
- [0563] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 I22K 변이
- [0564] ● 인간 BCMA ECD / E6 류틴 (서열번호: 1014)
- [0565] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 서열번호: 1002 또는 1007의 25번 위치의 아미노산 잔기 (글루타민)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류틴 아미노산 잔기(히스티딘, 22번 위치)로 교체된다.
- [0566] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 Q25H 변이
- [0567] ● 인간 BCMA ECD / E7 류틴 (서열번호: 1015)
- [0568] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인, 상기에서 서열번호: 1002 또는 1007의 30번 위치의 아미노산 잔기 (아르기닌)은 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류틴 아미노산 잔기 (프롤린, 34번 위치)로 교체된다

[0569] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 R39P 변이

[0570] cDNA 구조체를 포유류 발현 벡터 pEF-DHFR내로 클로닝하고 CHO 세포 내로 안정하게 형질감염시켰다. 단일클론 항-인간 BCMA 항체를 이용한 FACS 어세이에서, CHO 세포에서 인간 BCMA이 발현됨을 입증하였다. 단일클론 항-마우스 BCMA-항체로 묶인 BCMA 발현을 검증하였다. BCMA 항체의 사용된 농도는 PBS/2%FCS 중의 10  $\mu$ g/ml 이었다. 결합된 단일클론 항체를 항-랫트-IgG-Fcy-PE (PBS/2%FCS 중에서 1:100; Jackson-Immuno-Research #112-116-071)로 검출하였다. 음성 대조군으로, 첫 번째 항체를 대신하여 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)의 유세포 분석으로 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)로 분석하였다. 다른 항-BCMA 항체들로 유세포 분석 어세이를 수행하여 인간-묶인 BCMA 키메라로 형질감염된 CHO 세포의 표면 발현을 분석하고 확정하였다 (도 2).

[0571] B) 인간, 마카크, 마우스 및 인간/마우스 키메라 막관통 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성을 위하여, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의하여 인간, 마카크, 마우스 BCMA 및 인간-마우스 BCMA 키메라의 코딩 서열 (GenBank에 공개된 BCMA 서열, 등록 번호(accession numbers) NM\_001192 [인간]; NM\_011608 [마우스] 및 XM\_001106892 [마카크])을 획득하였다. 상기 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 먼저 Kozak 부위 및 19개 아미노산 번역글로불린 리더 펩타이드(leader peptide)의 코딩 서열, 묶인 서열로 교체된 인간 서열의 각각의 에피토프 도메인을 갖는 키메라의 경우 뒤이은 프레임으로 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열을 함유하도록 유전자 합성 단편을 설계하였다.

[0572] 인간 BCMA ECD / E4 묶인 및 인간 BCMA 구조체를 제외하고, BCMA 단백질의 세포의 도메인의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이어 인간 EpCAM(아미노산 226-314; GenBank 등록 번호 NM\_002354로 공개된 서열)의 세포내 도메인이 그 뒤를 따랐다.

[0573] 모든 코딩 서열 다음에 정지 코돈이 왔다. 적합한 제한 부위를 도입하기 위하여 유전자 합성 단편을 또한 설계하였다. 유전자 합성 단편을 pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum *et al.* 암 Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술되어 있다)로 지정된 플라스미드로 클로닝하였다. 위에서 기술한 모든 공정을 표준 프로토콜에 따라 수행하였다 (Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001)). 구조체의 진핵세포 발현을 위하여, 각 항원에 대하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 클론을 DHFR 결합 CHO 세포에 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) 방법 Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라, DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토폭세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다.

## [0574] 실시예A 2

### [0575] 2.1 HEK 293 세포에서 일시적인 발현

[0576] 제조사의 프로토콜에 따라 FreeStyle 293 발현 시스템 (Invitrogen GmbH, Karlsruhe, Germany)에서 형질감염 (transfection) 및 단백질 발현을 위하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 사용하였다. 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 얻었고, 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20°C에서 상청액을 보관하였다.

### [0577] 2.2 CHO 세포에서 안정한 발현

[0578] 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 DHFR 결합 CHO 세포로 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) 방법 Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라 DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토폭세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다. 정지 배양(stationary culture)의 2 세대 후, 수확하기 전에 뉴클레오시드-프리 HyQ PF CHO 액체 쿵 배지(soy medium) (0.1 % 플루로닉 F - 68이 포함된 4.0 mM L-글

루타민; HyClone이 포함된)로 7 일 동안 롤러 병(roller bottles)에서 세포를 성장시켰다. 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 보관하였다.

## [0579] 2.3 단백질 정제

[0580] 가용성 BCMA 단백질의 정제를 다음과 같이 실시하였다: 크로마토그래피를 위하여 Akta®Explorer System (GE Healthcare) 및 Unicorn® Software를 사용하였다. 제조사에 의해 제공된 프로토콜에 따라 ZnCl<sub>2</sub>가 로딩된 Fracto 겔 EMD chelate®(Merck)를 이용하여 고정된 금속 친화 크로마토그래피 ("IMAC")를 실시하였다. 버퍼 A (20 mM 소듐 포스페이트 버퍼 pH 7.2, 0.1 M NaCl)로 컬럼을 평형화하고 여과된 (0.2 μm) 세포 배양 상청액을 3 ml/min의 유속으로 컬럼 (10 ml)에 적용시켰다. 컬럼을 버퍼 A로 세척하여 결합되지 않은 샘플을 제거하였다. 다음의 공정에 따라, 버퍼 B (20 mM 소듐 포스페이트 버퍼 pH 7.2, 0.1 M NaCl, 0.5 M 이미다졸)의 2-단계 그라디언트를 이용하여 결합된 단백질을 용리하였다:

[0581] 단계 1: 6 컬럼 부피에 10 % 버퍼 B

[0582] 단계 2: 6 컬럼 부피에 100 % 버퍼 B

[0583] 추가 정제를 위하여 단계 2로부터 용리된 단백질 분획을 모았다. 모든 화합물은 리서치 등급(research grade)이었고 Sigma (Deisenhofen) 또는 Merck (Darmstadt)로부터 구입하였다.

[0584] 평형-버퍼(equi-buffer; HEK 세포에서 단백질 발현을 위한, 10 mM 시트레이트, 25 mM 리신-HCl, pH 7.2 및 CHO 세포에서 단백질 발현을 위한 PBS pH 7.4)로 평형된 HiLoad 16/60 Superdex 200 프랩 그레이드 컬럼 (prep grade column; GE/Amersham)상에서 겔 여과 크로마토그래피를 실시하였다. 검출을 위하여, 용리된 단백질 샘플 (유속 1 ml/min)에 표준 SDS-PAGE 및 웨스턴 블롯을 수행하였다. OD280 nm를 이용하여 단백질 농도를 검출하였다.

[0585] HEK 293 세포에서 일시적인 발현을 통하여 얻은 단백질을 면역화를 위하여 사용하였다. CHO 세포에서 안정한 발현을 통하여 얻은 단백질을 결합제의 선택 및 결합 측정을 위하여 사용하였다.

## [0586] 실시예A 3

### [0587] 무린 scFv-단편의 에피토프 클러스터링

[0588] 인간/마카크 BCMA에 결합하는 scFv를 함유하는 크루드(crude), 비희석된 주변세포질 추출물 (periplasmic extract) 로, 인간 또는 무린 BCMA, 또는 키메라 BCMA 분자로 형질감염된 세포를 염색하였다. 1 μl/ml의 항-FLAG 항체 (Sigma F1804) 및 R-PE-표지된 항-마우스 Fc 감마-특이적 항체 (1:100; Dianova #115-116-071)로, 결합된 scFv를 검출하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 모든 항체를 희석하였다. 음성 대조군으로, 주변세포질 추출물 대신에 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)에서 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)에 의하여 분석하였다.

## [0589] 실시예A 4

### [0590] 가용성 인간 및 마카크 BCMA의 다른 재조합 형태의 조달

[0591] A) 순서대로 인간 및 마카크 BCMA의 가용성 융합 단백질, 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc 및 무린 알부민의 가용성 융합 단백질, 및 오로지 BCMA의 세포외 도메인을 포함하는 가용성 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축을 위하여, 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA (GenBank 등록 번호 NM\_001192 [인간], XM\_001106892 [붉은털 원숭이])로 공개된 서열)의 코딩 서열, 인간 알부민, 인간 Fcγ1 및 무린 알부민의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.

[0592] 인간 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진행세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음으로 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인 각각에 상응하는 아미노산 1 내지 54 및 1 내지 53을 포함하는, 인간 및 붉은털 원숭이(rhesus) (또는, 벵골 원숭이(Macaca mulatta)) BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag

tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

- [0593] 유린 IgG1와 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 헥사히스티딘 tag의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0594] 유린 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 유린 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0595] 가용성 세포의 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA 각각의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0596] cDNA 단편 또한 설계하여, 단편의 시작과 끝인 제한 부위를 도입하였다. 도입된 제한 부위, 5' 말단의 EcoRI 및 3' 말단의 SalI를 다음의 클로닝 공정에 활용하였다. pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 EcoRI 및 SalI를 통하여 cDNA 단편을 클로닝하였다. 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라, 위에서 기술한 공정을 모두 수행하였다.
- [0597] B) BCMA의 세포의 도메인만을 포함하는 가용성 단백질뿐 아니라, 순서대로 인간 및 마카크 BCMA, 및 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc, 유린 IgG1 Fc, 유린 IgG2a Fc, 유린 알부민, 랫트 IgG1 Fc, 랫트 IgG2b 및 랫트 알부민의 가용성 융합 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열을 구축하기 위하여, 위에서 기술한 인간 및 마카크 BCMA의 코딩 서열 및 인간 알부민, 인간 Fc  $\gamma$  1, 유린 Fc  $\gamma$  1, 유린 Fc  $\gamma$  2a, 유린 알부민, 랫트 알부민, 랫트 Fc  $\gamma$  1 및 랫트 Fc  $\gamma$  2b의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.
- [0598] 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 19개 아미노산 번역글로불린 리더 펩타이드의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 BCMA 단백질 각각의 세포의 도메인의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 각각의 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0599] IgG Fcs와 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 19개 아미노산 번역글로불린 리더 펩타이드의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 BCMA 단백질 각각의 세포의 도메인의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열(인공 Ser1-Gly1-링커가 사용된 인간 IgG1 Fc 제외), 뒤이은 프레임으로 IgG 각각의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0600] 가용성 세포의 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA 각각의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하



도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0601] 구조체의 클로닝을 위하여, 적합한 제한 부위를 도입하였다. cDNA 단편을 모두 pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum *et al.* 2001에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 클로닝하였다. 표준 프로토콜 (Sambrook, 2001)에 따라, 위에서 기술한 모든 공정을 수행하였다.

[0602] 다음의 구조체를 설계하여, 별개의 에피토프에 직접적인 패닝(panning)이 가능하게 하였다. 무린-인간 및 무린-마카크 BCMA 키메라 각각 및 무린 IgG1 Fc 및 무린 알부민 각각의 가용성 융합 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축을 위하여, 무린-인간 BCMA 키메라 및 무린-마카크 BCMA 키메라 (위에서 기술한 마우스, 인간 및 마카크 BCMA 서열)의 코딩 서열 및 무린 알부민 및 무린 Fc  $\gamma$ 1의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 무린-인간 및 무린-마카크 BCMA 키메라를 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의하여 인간 및 마카크 서열 각각으로 변이된 각각의 에피토프 도메인을 가지는 무린 BCMA (아미노산 1-49)의 cDNA 단편을 얻었다. 위에서 기술한 바와 표준 프로토콜 (Sambrook, 2001)에 따라, 구조체의 클로닝을 수행하였다.

[0603] 다음의 분자가 구축되었다:

- [0604] ● 아미노산 1-4 인간, 무린 IgG1 Fc
- [0605] ● 아미노산 1-4 인간, 무린 알부민
- [0606] ● 아미노산 1-4 붉은털 원숭이, 무린 IgG1 Fc
- [0607] ● 아미노산 1-4 붉은털 원숭이, 무린 알부민
- [0608] ● 아미노산 5-18 인간, 무린 IgG1 Fc
- [0609] ● 아미노산 5-18 인간, 무린 알부민
- [0610] ● 아미노산 5-18 붉은털 원숭이, 무린 IgG1 Fc
- [0611] ● 아미노산 5-18 붉은털 원숭이, 무린 알부민
- [0612] ● 아미노산 37-49 인간, 무린 IgG1 Fc
- [0613] ● 아미노산 37-49 인간, 무린 알부민
- [0614] ● 아미노산 37-49 붉은털 원숭이, 무린 IgG1 Fc
- [0615] ● 아미노산 37-49 붉은털 원숭이, 무린 알부민

## [0616] 실시예 A5

### [0617] 5.1 인간 및 마카크 BCMA 및 CD3에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정

[0618] 인간 혈청 알부민 (ALB)이 있는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석 실험을 실시하여, BCMA 표적에 결합하는지 여부를 결정하였다. CD3 친화 측정을 위하여, 인간 항체 Fc 부분에 융합된 CD3 엡실론 (CD3e)의 N-말단 27개 아미노산을 가지는 재조합 융합 단백질을 이용하였다. 이 재조합 단백질은 이중특이적 항체에서 CD3 결합체의 에피토프가 있는 인간 CD3e1-27 버전 및 시노몰구스(cynomolgous) CD3e 버전에 존재한다.

[0619] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라 pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 대략 100 내지 150 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer; GE Healthcare)에 희석된 것으로, 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. 3 min 동안, 유속을 30 내지 35  $\mu$ l/min로 하고, 그리고 나서 30 내지 35  $\mu$ l/ml의 유속으로, 8 min 동안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer)를 적용하였다. 10 mM 글리신, 0.5 M NaCl, pH 2.45를 이용하여 칩의 재생성(regeneration)을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다 (참조 도 A4). 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

### [0620] 5.2 인간 및 마카크 BCMA에 대한 결합 친화성

[0621] 마우스 알부민 (ALB)을 가지는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석에 의하여 인간 및 마카크

BCMA에 대한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 결합 친화성을 결정하였다.

[0622] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라 pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 대략 150 내지 200 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼 (GE Healthcare)에 희석된 것으로 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. BCMA 친화성을 결정하기 위하여, 3 min 동안 유속을 35  $\mu$ l/min로 하고, 그리고 나서 35  $\mu$ l/ml의 유속으로, 10, 30 또는 60 min 동안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼를 적용하였다. 10 mM의 글리신 0.5 M NaCl pH 1.5 및 6 M 구아니딘 클로라이드 용액의 1:1 혼합물로 이루어진 버퍼를 이용하여 칩의 재생성을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다 (도 A6 참조). 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

[0623] BCMA 결합에 적용하는 것과 동일한 농도를 이용한 단일 실험에서, 확정된 인간 및 마카크 CD3 애플론 결합을 실시하였다; 10 min의 해리 시간 동안 해리속도를 결정하였다.

[0624] 서브-나노몰라 범위에서, 본 발명에 따른 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체, 즉, 에피토프 클러스터 "E3/E4±E7"의 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체가, 인간 BCMA에 고 친화성을 보였다. 마카크 BCMA에 대한 결합을 견주어보았고, 서브나노몰라 범위에서 또한 친화성을 보였다. BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 및 친화 갭(gaps)을 표 2에서 보여준다.

표 2: Biacore 분석에 의하여 결정된 인간 및 마카크 BCMA 에 대한 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 및 계산된 친화 갭(gaps) (ma BCMA : hu BCMA).

BCMA/CD3 이중특이적 항체	hu BCMA [nM]	ma BCMA [nM]	친화 갭 ma BCMA : hu BCMA
BCMA-24	0.11	0.18	1.6
BCMA-30	0.21	0.20	1:1.1
BCMA-28	0.18	0.21	1.2
BCMA-25	0.29	0.30	1.0
BCMA-27	0.25	0.12	1 : 2.1
BCMA-31	0.24	0.35	1.5
BCMA-29	0.34	0.27	1 : 1.3
BCMA-43	0.50	0.29	1 : 1.7
BCMA-40	0.67	0.25	1 : 2.7
BCMA-49	0.37	0.29	1 : 1.3
BCMA-44	0.17	0.095	1 : 1.8
BCMA-41	0.32	0.15	1 : 2.1
BCMA-47	0.24	0.092	1 : 2.6
BCMA-50	0.35	0.15	1 : 2.3
BCMA-45	0.43	0.15	1 : 2.9
BCMA-42	0.37	0.11	1 : 3.4
BCMA-48	0.46	0.11	1 : 4.2
BCMA-51	0.41	0.20	1 : 2.1

[0625]

### [0626] 5.3 인간 및 마카크 BCMA에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정

[0627] Biacore 측정에서, CM5 칩에서의 재조합 가용성 BCMA에 대한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성을 반복실험하여 KDs 및 특히 더 긴 해리 기간 (이전 실험에서 이용하였던 10 min 대신에 60 min)을 이용한 해리속도를 재확인하였다. 각각 5개의 다른 농도로, 두 번 독립적으로, 검사한 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성을 측정하였다.

[0628]

[0629] 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성은 명확히 서브나노몰라였다, 표 3의 예 참

조.

표 3: 연장된 해리 시간을 이용한 Biacore 실험으로부터 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 (KD) (각각 2 개의 독립적인 실험).

BCMA/CD3 이중특이적 항체	KD [nM] 인간 BCMA	KD [nM] 마카크 BCMA
BCMA-30	0.302 ± 0.074	0.284 ± 0.047
BCMA-50	0.514 ± 0.005	0.196 ± 0.012

[0630]

[0631]

#### 실시예 A6

[0632]

#### 이중특이적 결합 및 종간 교차-반응 (interspecies cross-reactivity)

[0633]

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

[0634]

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

[0635]

인간 및 마카크 BCMA, 인간 및 마카크 T 세포뿐 아니라 인간 BCMA-발현하는 다발성 골수종 세포주 NCI-H929로 형질감염된 CHO 세포로, 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 염색하였다. 또한, 비형질감염된 CHO 세포의 염색하지 않은 군이 있었다 (도 A7 참조).

[0636]

#### 실시예 A7

[0637]

#### 인간 및 마카크 BCMA에 대한 이중특이적-항체 친화성의 Scatchard-기반 결정

[0638]

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

[0639]

100 nM에서 시작하는 BCMA 이중특이적 항체 각각의 트리플렛 희석 시리즈(triplet dilution series) (1:2의 8 개 희석)의 각 50 µl로, 각각의 세포주 (제조함하여 인간 BCMA-발현하는 CHO 세포주, 제조함하여 마카크 BCMA-발현하는 CHO 세포주)의  $2 \times 10^4$  세포를 인큐베이션하고, 뒤이어 4°C, 교반 하에서 16 h 동안 인큐베이션하고, 하나 남은 세척 단계를 수행하였다. 그리고 나서, 30 µl의 항-His Fab/Alexa488 용액 (Micromet; 30 µg/ml)으로, 30 min 동안 세포를 추가로 인큐베이션하였다. 한번의 세척 단계 후, 3.5 % 포름알데히드를 함유하는 150 µl FACS 버퍼에서 세포를 재부유시키고, 추가 15 min 동안 인큐베이션, 원심분리, FACS 버퍼에서 재부유시키고 FACS CantoII machine 및 FACS Diva software를 이용하여 분석하였다. 두 개의 독립적인 실험 세트로부터 데이터를 생성하였다. 수치를 쌍곡선 결합 곡선(hyperbole binding curve)으로 그렸다. 각각의 Scatchard 분석 결과를 계산하여, 최대 결합(Bmax)을 외삽하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 이중특이적 항체의 농도를 결정하였다. 삼중 측정값을 쌍곡선으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합을 결정하고 각각의 KDs를 계산하였다.

[0640] 인간 및 마카크 BCMA 사이에 가능한 친화 값을 측정하는 가장 믿을만한 방법인 Scatchard 분석에 의하여 인간 또는 마카크 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성을 결정하였다.

[0641] 포화에 달할 때까지 (16 h) 각각의 모노머 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도를 증가시키면서 BCMA 항원을 발현하는 세포를 인큐베이션하였다. 유세포 분석에 의하여 결합된 이중특이적 항체를 검출하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도를 결정하였다.

[0642] 삼중 측정 값을 최소로부터 최적 결합까지의 적절한 농도 범위를 설명하는 쌍곡선 및 S-형태 곡선(S-shaped curves)으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합 (Bmax)을 결정하고(도 A8) 각각의 KDs를 계산하였다. 표 4에서 나타내는 값은 BCMA/CD3 이중특이적 항체당 두 개의 독립적인 실험으로부터 유래한 것이다.

[0643] 세포 기반 Scatchard 분석은 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 인간 BCMA에 대한 친화성이 서브나노몰라이크 1.9-2.9의 작은 중간 BCMA 친화 값을 가짐을 확정하였다.

[0644] 에피토프 클러스터링 (실시에 A1 및 A2 참조) 동안, BCMA의 에피토프 클러스터 1 및 4 ("E1/E4"에 결합할 수 있는 항체의 또 다른 군을 동정하였다. 에피토프 클러스터 1은 mlqmagq (서열번호: 1018)이고 에피토프 클러스터 4는 NASVTNSVKGTNA (서열번호: 1019)이다. 에피토프 클러스터 "E3/E4±E7"의 BCMA/CD3 이중특이적 항체와는 달리, 에피토프 클러스터 "E1/E4"의 항체는 인간 및 마카크 BCMA사이에서 3.9-4.5의 높은 친화 값을 보인다.

표 4: 세포 기반 Scatchard 분석 (각각 두 개의 독립적인 실험)으로부터 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 친화성 (KD)과 계산된 친화 값 KD 마카크 BCMA/KD 인간 BCMA.

BCMA/CD3 이중특이적 항체	KD [nM] 인간 BCMA	KD [nM] 마카크 BCMA	x-fold KD 차이 KD ma vs. KD hu BCMA
BCMA-30	0.85 ± 0.07	2.50 ± 1.12	2.9
BCMA-50	0.93 ± 0.08	1.75 ± 0.62	1.9

[0645]

[0646] 실시예 A8

[0647] 세포독성 활성

[0648] 8.1 자극된 인간 T 세포로 크로뎀 방출 어세이

[0649] 다음과 같이 CD8<sup>+</sup> T 세포가 강화된 자극된 T 세포를 얻었다: 37°C에서 1 시간 동안, 1 µg/ml의 최종 농도로 상업적으로 구입가능한 항-CD3 특이적 항체 (OKT3, 오르토클론)로 페트리 접시 (145 mm 직경, Greiner bio-one GmbH, Kremsmunster)를 코팅하였다. PBS 한번 세척하여 비결합된 단백질을 제거하였다. 안정화된 글루타민 / 10% FCS / IL-2 20 U/ml (Proleukin® Chiron)가 있는 120 ml의 RPMI 1640가 있는, 전코팅된(precoated) 페트리 접시에 3-5 x 10<sup>7</sup> 인간 PBMC를 가하고 2 일 동안 자극하였다. 3일째에, 세포를 모으고 RPMI 1640로 한번 세척하였다. IL-2를 가하여 최종 농도를 20 U/ml로 만들고 위에서와 같은 세포 배양 배지에서 하루 동안 다시 세포를 배양하였다. 제조사의 프로토콜에 따라 Dynal-Beads를 이용하여 CD4<sup>+</sup> T 세포 및 CD56<sup>+</sup> NK 세포의 감소에 의하여 CD8<sup>+</sup> 세포독성 T 림프구 (CTLs)를 강화하였다.

[0650] PBS로 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 표적 세포 (BCMA-양성 표적 세포 를 두번 세척하고 37°C에서 60

분 동안 50% FCS가 있는 최종 부피 100  $\mu$ l의 RPMI에서 11.1 MBq  $^{51}\text{Cr}$ 으로 표지하였다. 그 후에, 5 ml RPMI로 표지된 표적 세포를 3 번 세척하고 나서 세포독성 어세이에서 사용하였다. 96-웰 플레이트, 10:1의 E:T 비율로 보충된 총 부피 200  $\mu$ l의 RPMI에서, 어세이를 실시하였다. 처음 농도 0.01-1  $\mu$ g/ml인 정제된 이중특이적 항체 및 그의 3배 희석물을 사용하였다. 어세이를 위한 인큐베이션 시간은 18 시간이었다. 최대 용해(Triton-X의 부가) 및 자발적 용해 (효과기 세포 없음)의 차이에 비례하는 상청액에서 방출된 크로뮴의 상대적인 값으로 세포독성을 결정하였다. 모든 측정은 4번 반복하여 수행하였다. Wizard 3' 감마 카운터 (Perkin Elmer Life Sciences GmbH, Koln, Germany)에서 상청액에서의 크로뮴 활성화의 측정을 실시하였다. Windows (버전 5.0, GraphPad Software Inc., San Diego, California, USA) Prism 5로 실험 데이터의 분석을 수행하였다. 시그모이드 용량 반응 곡선(simoidal dose response curves) 분석 프로그램에 의하여 계산된 EC50 값을 세포독성 활성을 비교하기 위하여 이용하였다 (도 A5 참조).

[0651] 8.2 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 자극된 인간 효과기 T 세포를 리다이렉팅(redirecting) 하는 효과

[0652] 표적 세포로서 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 세포를 이용한  $^{51}\text{Cr}$ -크로뮴 방출 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 실시예 A 8.1에 기술한 바에 따라 실험을 수행하였다.

[0653] 에피토프 클러스터 E3/E4 $\pm$ 7의 모든 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 인간 BCMA 형질감염된 CHO 세포에 대하여 1-자리(1-digit) pg/ml 및 2-자리(2-digit) pg/ml 이하 사이의 범위에서 EC50-값을 갖는 강한 세포독성 활성을 보여주었다 (도 A9 및 표 5). 따라서, 에피토프 클러스터 E3/E4 $\pm$ 7는 매우 강한 이중특이적 항체 매개 세포독성 활성을 뒷받침하는 매우 유망한 에피토프-활성 관계를 보여준다.

표 5: 표적 세포로서 인간 BCMA 로 감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 세포를 이용한  $^{51}\text{Cr}$ -크로뮴 방출 세포독성 어세이에서 분석된 에피토프 클러스터 E3/E4 $\pm$ 7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
BCMA-24	4.6	0.91
BCMA-30	6	0.83
BCMA-28	5.7	0.90
BCMA-25	9.7	0.87
BCMA-27	5.4	0.90
BCMA-31	11	0.89
BCMA-29	9	0.89
BCMA-43	12	0.74
BCMA-40	15	0.77
BCMA-49	22	0.76
BCMA-44	13	0.78
BCMA-41	9.9	0.76
BCMA-47	8.0	0.80
BCMA-50	18	0.77
BCMA-45	14	0.81
BCMA-42	22	0.83
BCMA-48	31	0.76
BCMA-51	30	0.83

[0654] 8.3 비자극된 인간 PBMC로 FACS-기반 세포독성 어세이

[0656] 효과기 세포의 분리



- [0657] 수혈하기 위한 혈액을 모으는 혈액 은행의 부산물인, 강화된 림프구 제제 (버퍼 코트; buffy coats)로 부터 Ficoll 밀도 그라디언트 원심분리에 의하여 인간 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)를 준비하였다. 지역 혈액 은행에서 버퍼 코트를 제공받았고 혈액을 수집한 날과 동일한 날에 PBMC를 준비하였다. Ficoll 밀도 원심분리 및 Dulbecco의 PBS (Gibco)로의 대규모 세척 후에, 적혈구 용해 버퍼 (155 mM  $\text{NH}_4\text{Cl}$ , 10 mM  $\text{KHCO}_3$ , 100  $\mu\text{M}$  EDTA)로 인큐베이션 하여 PBMC로부터 남아있는 적혈구를 제거하였다. 100 x g에서 PBMC의 원심분리에 따른 상층액을 통하여 혈소판을 제거하였다. 남아있는 림프구는 주로 B 및 T 림프구, NK 세포 및 단핵구를 포함한다. 10% FCS (Gibco)가 있는 RPMI 배지 (Gibco)에서, 37 °C/5%  $\text{CO}_2$  에서 PBMC를 배양하였다.
- [0658]  $\text{CD14}^+$  및  $\text{CD56}^+$  세포의 감소
- [0659] NK 세포 인간  $\text{CD56}^+$  MicroBeads (MACS, #130-050-401)의 감소를 위하여,  $\text{CD14}^+$  세포를 감소시키기 위하여, 인간  $\text{CD14}^+$  MicroBeads (Milteny Biotec, MACS, #130-050-201)를 사용하였다. PBMC를 계수하고 300 x g로 실온에서 10 min 동안 원심분리하였다. 상층액을 버리고 MACS 분리 버퍼 [80  $\mu\text{L}$ /  $10^7$  세포; PBS (Invitrogen, #20012-043), 0.5% (v/v) FBS (Gibco, #10270-106), 2 mM EDTA (Sigma-Aldrich, #E-6511)]에서 세포 펠렛을 재부유시켰다.  $\text{CD14}^+$  MicroBeads 및  $\text{CD56}^+$  MicroBeads (20  $\mu\text{L}$ /  $10^7$  세포)를 가하고 4 - 8°C에서 15 min 동안 인큐베이션하였다. MACS 분리 버퍼 (1 - 2 mL/ $10^7$  세포)로 세포를 세척하였다. 원심분리 (상기 참조) 후, 상층액을 버리고 MACS 분리 버퍼 (500  $\mu\text{L}$ / $10^8$  세포)에서 세포를 재부유시켰다. 그리고 나서 LS 컬럼 (Miltenyi Biotec, #130-042-401)를 이용하여  $\text{CD14}^+$ / $\text{CD56}^+$  음성 세포를 분리하였다. 필요할 때까지, 37°C 인큐베이터에서, RPMI 완전 배지 즉, 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x 비-필수 아미노산 (Biochrom AG, #K0293), 10 mM Hepes 버퍼 (Biochrom AG, #L1613), 1 mM 소듐 피루베이트 (Biochrom AG, #L0473) 및 100 U/mL 페니실린/스트렙토마이신 (Biochrom AG, #A2213)가 보충된 RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215)에서 PBMC w/o  $\text{CD14}^+$ / $\text{CD56}^+$  세포를 배양하였다.
- [0660] 표적 세포 표지
- [0661] 유세포 분석 어세이에서 세포 용해를 분석하기 위하여, 형광 멤브레인 다이 DiOC<sub>18</sub> (DiO) (Molecular Probes, #V22886)를 이용하여 표적 세포(인간 / 마카크 BCMA-양성 표적 세포)로서 인간 BCMA- 또는 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포를 표지하고 효과기 세포로부터 그들을 구분하였다. 요약하면, 세포를 수확, PBS로 한번 세척하고, 2 % (v/v) FBS 및 멤브레인 다이 DiO (5  $\mu\text{L}$ / $10^6$  세포)를 함유하는 PBS에서  $10^6$  세포/mL로 조정하였다. 37°C에서 3 min 동안 인큐베이션한 후, 완전 RPMI 배지에서 세포를 두번 세척하고 세포 수를  $1.25 \times 10^5$  세포/mL로 조정하였다. 0.5 % (v/v) 등장성 EosinG 용액 (Roth, #45380)을 이용하여 세포의 생존력을 결정하였다.
- [0662] 유세포 분석 기반 분석
- [0663] BCMA/CD3 이중특이적 항체의 연속 희석액의 존재 하에서의 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포(또는 BCMA 양성 표적 세포)의 용해를 정량하기 위하여 이 어세이를 설계하였다.
- [0664] DiO-표지된 표적 세포 및 효과기 세포 (즉, PBMC w/o  $\text{CD14}^+$  세포)를 동등한 부피로 혼합하여, E:T 세포 비율을 10:1로 하였다. 이 현탁액 160  $\mu\text{L}$ 을 96-웰 플레이트의 각 웰로 옮겼다. BCMA/CD3 이중특이적 항체의 연속 희석액 (serial dilutions) 40  $\mu\text{L}$  및 이중특이적 음성 대조군 항체 (무관한 표적 항원을 인지하는 CD3-기반 이중특이적 항체) 또는 추가 음성 대조군으로 RPMI 완전 배지를 가하였다. 7%  $\text{CO}_2$  습식 인큐베이터에서 48 시간 동안 BCMA/CD3 이중특이적 항체에 의하여 매개된 세포독성 반응을 진행시켰다. 그리고 나서 세포를 새로운 96-웰 플레이트로 옮기고 최종 농도 1  $\mu\text{g/mL}$ 의 프로피디움 아이오다이드 (propidium iodide; PI)를 가하여 표적 세포 멤브레인 완전성(integrity)의 손실을 모니터링하였다. PI는 보통 살아있는 세포로부터 거부되지만 죽은 세포로부터 흡수되어 형광 방사에 의하여 식별가능하게 되는 멤브레인 불투과성 다이이다.

[0665] FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다.

[0666] DiO-양성 세포로서 표적 세포를 동정하였다. 살아있는 표적 세포로서 PI-음성 표적 세포를 분류하였다. 하기 식에 따라 세포독성 퍼센트를 계산하였다:

[0667] 세포독성 [%] =  $n(\text{dead target cells}) \times 100 / n(\text{target cells})$

[0668] n = 횟수

[0669] GraphPad Prism 5 software (Graph Pad Software, San Diego)를 이용하여, 상응하는 이중특이적 항체 농도에 대한 세포독성 퍼센트를 도시하였다. 고정된 힐 슬로프로 시그모이드 용량 반응 곡선의 평가를 위하여 네 개의 파라미터 로지스틱 회귀 모델(parametric logistic regression)로 용량 반응 곡선(Dose response curves)을 분석하고 EC50 값을 계산하였다.

#### [0670] 8.4 비자극된 인간 PBMC 에 대한 인간 BCMA-형질감염된 표적 세포

[0671] 표적 세포로서 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC를 이용하여 FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 위에서 기술한 바와 같이 어세이를 수행하였다 (실시에 A8.3).

[0672] 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적세포로서 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포로의 FACS-기반 세포독성 어세이 결과를 도 A10 및 표 6에서 보여준다.

표 6: 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적 세포로서 인간 BCMA 로 감염된 CHO 세포로 수행한 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
BCMA-30	314	0.98
BCMA-50	264	0.97

[0673]

#### [0674] 실시예 A9

##### [0675] 9.1 BAFF-수용체로의 교차-반응의 배제

[0676] 유세포 분석을 위하여, 농도 5 µg/ml의 정제된 이중특이적 분자 50 µl로 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 세포를 두번 세척하고 묶린 PentaHis 항체 (Qiagen; 2% FCS가 있는 PBS 50 µl에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척한 후, 2% FCS가 있는 PBS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨주게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다. 이중특이적 결합체는 BAFF 수용체와 교차-반응을 보이지 않았다.

##### [0677] 9.2 배제 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 교차-반응 with 인간 BAFF-수용체 (BAFF-R) 및 TACI

[0678] 인간 BAFF-R 및 TACI에 대한 결합을 배제하기 위하여, 인간 BAFF-R 및 TACI로 각각 형질감염된 CHO 세포를 이용한 유세포 분석에 의하여 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 시험하였다. 또한, 인간 BCMA에 결합하는 양성 대조군으로 L363 다발성 골수종 세포를 사용하였다. 두 개의 양성 대조군 항체에 의하여 CHO 세포에서 BAFF-R 및 TACI 항원의 발현을 확인하였다. 앞의 실시예에서 기술한 바와 같이 유세포 분석을 실시하였다.

[0679] 유세포 분석을 통하여 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 어느것도 인간 BAFF-R 또는 인간 TACI 와 교차-반응 하지 않음을 확정하였다 (참조 도 A11).

[0680] **실시예 A10**

[0681] **세포독성 활성**

[0682] BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 인간-유사 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 다섯 개의 추가의 인 비트로(in vitro) 세포독성 어세이에서 분석하였다:

[0683] 1. 51-크로뮴 방출 어세이로, BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 자극된 인간 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.

[0684] 2. FACS-기반 세포독성 어세이로, 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 비자극된 인간 PBMC 내 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.

[0685] 3. FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 비자극된 인간 PBMC 내 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.

[0686] 4. 교차-반응성(cross-reactive) BCMA 이중특이적 항체가 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대해 마카크 T 세포를 리다이렉팅할 수 있음을 확정하기 위하여, 효과기 T 세포로서 마카크 T 세포주로 FACS-기반 세포독성 어세이를 실시하였다.

[0687] 5. 표적 세포로서 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 인간 T 세포를 이용한 51-크로뮴 방출 어세이에서, BCMA 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 형태 사이의 효과 갭(gap)을 결정하였다.

[0688] **실시예 A11**

[0689] **BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 자극된 인간 T 세포**

[0690] 표적 세포의 원천으로서 BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (DSMZ No. ACC49) 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 세포를 이용한 51-크로뮴 (<sup>51</sup>Cr) 방출 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 실시예 8.1에서 기술한 바와 같이 어세이를 수행하였다.

[0691] 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 림프구 및 표적으로서 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포로의 51-크로뮴 방출 어세이의 결과와 부합되게, 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 세포독성 활성이 강력하였다 (도 A12 및 표 7).

[0692] 예상과 달리, 그러나, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 - 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 세포독성 활성이 강력함에도 불구하고 - 세포 표면에 낮은 농도로 천연의 BCMA를 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 세포독성이 약함이 입증되었다(도 A12 및 표 7). 이론에 구속시키고자 하는 것은 아니지만, 본 발명자들은 인간 BCMA의 E1/E4 에피토프가 BCMA-형질감염된 세포상에서 보다 내추럴 BCMA 발현자 상에 접근가능성이 더 적을수도 있다고 믿는다.

표 7: 표적 세포의 원천으로서 BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 및 효과기 세포로서 자극된 강화된 인간 CD8 T 세포로의 18-시간 51-크로뮴 ( $^{51}\text{Cr}$ ) 방출 세포독성 어세이에서 분석된 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3/E4±E7 (3 및 4 열)의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
1	BCMA-54	685	0.84
2	BCMA-53	1107	0.82
3	BCMA-30	182	0.83
4	BCMA-50	148	0.83

[0693]

[0694]

#### 실시예 A12

[0695]

비자극된 인간 PBMC 에 대한 the BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363

[0696]

표적 세포의 원천으로서 - 모든 시험된 표적 T 세포주의 천연의 BCMA의 가장 약한 표면 발현을 보이는 - BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 L363 (DSMZ, ACC49) 및 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성 또한 분석하였다. 위에서 기술한 바와 같이 어세이를 수행하였다 (실시예 A8.3).

[0697]

인간 다발성 골수종 세포주 L363에 대한 자극된 강화된 인간 CD8 T 림프구로의 51-크로뮴 방출 어세이에서 관찰된 바와 같이, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 - 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 그들의 강한 세포독성 활성과 달리 - 세포 표면 상에서 낮은 밀도로 천연의 BCMA를 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 L363 에 대한 비자극된 PBMC의 세포독성 활성을 리다이렉팅하는데 있어서는 효과가 덜 강함이 다시 입증되었다. 이는 위에서 제시한 이론, 즉, BCMA-형질감염된 세포 상에서 보다 내추럴 BCMA 발현자 상에서 인간 BCMA의 E1/E4 에피토프가 접근 가능성이 적을 수도 있다는 것과 일치한다. 이 어세이에서, 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 3-자리(digit) pg/ml EC50-값이 나타났다 (도 A13 및 표 8 참조).

표 8: 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적 세포의 원천으로서 인간 다발성 골수종 세포주 L363 로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 것으로서 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3/E4±E7 (3 및 4 열)의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
1	BCMA-54	3162	0.99
2	BCMA-53	2284	0.98
3	BCMA-30	589	0.99
4	BCMA-50	305	0.99

[0698]

[0699]

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

[0700]

#### 실시예 A13

[0701]

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

[0702]

표적 세포의 원천으로서 BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 (ATCC CRL-9068) 및 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이에서, BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다. 위에서 기술한 바와 같이, 어세이를 수행하였다 (실시예 A8.3).

[0703] 세포 표면 상에 천연의 BCMA를 발현하는 다른 인간 다발성 골수종 세포주 (즉, NCI-H929)로의 이 어세이의 결과는 인간 다발성 골수종 세포주 L363로 얻어진 결과를 확정하였다. 다시, 인간 다발성 골수종 세포에 대한 비자극된 PBMC의 세포독성 활성을 리다이렉팅함에 있어서 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 - 인간 BCMA로 형질감염된 CHO 세포에 대한 그들의 강한 세포독성 활성과 달리 - 덜 강함이 입증되었고, 이는 인간 BCMA의 E1/E4 에피토프는 BCMA-형질감염된 세포 상에서 보다 내추럴 BCMA 발현자 상에서 접근 가능성이 적을 수도 있다는 이론을 확정하는 것이다. E1/E4 결합제에서 볼 수 있는 바와 같은 BCMA-형질감염된 표적 세포 및 내추럴 발현자 사이의 이러한 활성 갭은 E3/E4±E7에서는 볼 수 없었다. 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 2-자리의 pg/ml EC50-값이 나타났고 따라서 NCI-H929 표적 세포에 대한 비자극된 PBMC를 놀라울만큼 좋은 EC50-값을 갖도록 리다이렉션하였다 (도 A14 및 표 9 참조).

표 9: 효과기 세포로서 비자극된 인간 PBMC 및 표적 세포의 원천으로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3/E4±E7 (3 및 4 열) 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
1	BCMA-54	2604	0.99
2	BCMA-53	2474	0.99
3	BCMA-30	38.0	0.95
4	BCMA-50	40.4	0.97

[0704]

[0705] 예상대로, L363와 비교하여 세포 표면상에서 BCMA를 높은 수준으로 발현하는 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929에서 EC50-값이 더 낮았다.

#### [0706] 실시예 A14

[0707] 마카크 BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 마카크 T 세포

[0708] 마지막으로, 표적 세포로서 마카크 BCMA, 및 효과기 세포의 원천으로서 마카크 T 세포주로 형질감염된 CHO 세포를 이용한 FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 세포독성 활성을 분석하였다.

[0709] 효과기 세포의 원천으로 마카크 T 세포주 4119LnPx (Knappe et al. Blood 95:3256-61 (2000))를 이용하였다. 위에서 기술한 바와 같이 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포의 표적 세포 표지 및 세포독성 활성의 유세포 분석 기반 분석을 실시하였다.

[0710] 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체에 의하여 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포를 효과적으로 살상하도록 세포주 4119LnPx로부터 마카크 T 세포를 유도하였다. 이 어세이에서, 항체는 매우 강한 1- 자리의 pg/ml EC50-값을 나타냈고, 이는 마카크 시스템에서 이들 항체가 매우 활성이 강함을 확정하는 것이었다. 반면에, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 2-자리 내지 3-자리 pg/ml 범위에서 EC50-값을 갖는 상당히 약한 효과를 보였다(도 A15 및 표 10 참조). 마카크 시스템에서, E3/E4±E7 특이적 항체는 따라서 약 20 내지 100 배 이상 더욱 강하다.



표 10: 효과기 세포로서 마카크 T 세포주 4119LnPx 및 표적 세포로서 마카크 BCMA 로 감염된 CHO 세포로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3/E4±E7 (3 및 4 열) 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [pg/ml].

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	EC50 [pg/ml]	R 스퀘어 값
1	BCMA-54	78.5	0.98
2	BCMA-53	183	0.96
3	BCMA-30	1.7	0.97
4	BCMA-50	3.7	0.96

#### 실시예 A15

BCMA/CD3 이중특이적 항체 모노머 및 다이머 사이의 효과 갭(potency gap)

각 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 이소폼(isoform) 사이의 세포독성 활성 차이(효과 갭이라고도 칭함)를 결정하기 위하여, 정제된 BCMA/CD3 이중특이적 항체 모노머 및 다이머로 위에서 기술된(실시예 A8.1) 51-크로뎀 방출 세포독성 어세이를 수행하였다. 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머의 EC50 값 사이의 비율로 효과 갭을 계산하였다. 시험된 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 효과 갭은 0.2 및 1.2 사이였다. 따라서, 각각의 모노머와 비교하여 다이머는 실질적으로 더 높은 활성을 나타내지 않았다.

#### 실시예 A16

3회 동결/융해 사이클 후 모노머에서 다이머로의 전환

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

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

3회 동결/융해 사이클 후, 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 우수하다고 여겨지는 0.8 내지 1.5%의 다이머 퍼센트를 나타내었다. 그러나, 에피토프 클러스터 E1/E4의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 다이머 전환 비율은, 문턱값을 초과하는 적합하지않은 다이머 값인 ≥2.5% (각각 4.7% 및 3.8%)의, 좋지않게 높은 값에 달하였다, 표 11 참조.

표 11: 3 회 동결/융해 사이클 후, 고 성능 크기 배제 크로마토그래피 (HP-SEC)에 의해 결정된 에피토프 클러스터 E1/E4 (1 및 2 열) 및 E3/E4±E7 (3 및 4 열) 의 모노머 대 다이머 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 퍼센트.

	BCMA/CD3 이중특이적 항체	모노머 [%]	다이머 [%]
1	BCMA-54	95.3	4.7
2	BCMA-53	96.2	3.8
3	BCMA-30	98.5	1.5
4	BCMA-50	99.2	0.8

[0720]

[0721] 실시예 A17

[0722] 열 안정성

[0723] DSC (Differential Scanning Calorimetry)에 의하여 온도 용해 곡선(temperature melting curve s)을 결정하여 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 고유의 생물물리학적 단백질 안정성을 결정하였다. MicroCal LLC (Northampton, MA, U.S.A) VP-DSC 장치를 이용하여 이들 실험을 실시하였다. 항체의 제형 버퍼(formulation buffer)만이 함유된 샘플과 비교하여, 20℃ 부터 90℃까지 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 함유하는 샘플의 에너지 흡수를 기록하였다.

[0724] 상세하게는, 저장 버퍼에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 최종 농도 250  $\mu\text{g/ml}$ 으로 조정하였다. 300  $\mu\text{l}$ 의 준비된 단백질 용액을 딥 웰 플레이트로 옮기고 DSC 장치의 냉각된 오토샘플러(autosampler) 랙 포지션(rack position)에 놓았다. 측정을 위한 참조 물질로서 SEC 러닝 버퍼로 추가의 웰을 채웠다. 측정 공정을 위하여, 오토샘플러에 의하여 단백질 용액을 캐필러리로 옮겼다. 참조로서 추가의 캐필러리를 SEC 러닝 버퍼로 채웠다. 모든 샘플에 대하여 20℃부터 90℃까지의 동등한 온도 범위에서 캐필러리를 가열하는 데에 필요한 가열 에너지로 가열 및 기록하였다.

[0725] 각각의 용해 곡선을 기록하기 위하여, 점진적으로 모든 샘플 온도를 증가시켰다. 각 온도에서 샘플 및 제형 버퍼 참조의 T 에너지 흡수를 기록하였다. 각각의 온도에 대하여 샘플 마이너스 참조의 에너지 흡수 Cp (kcal/mole/℃) 차이를 도출하였다. 에너지 흡수의 첫 번째 최대 온도로서 용해 온도를 결정하였다.

[0726] 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 모든 시험된 BCMA/CD3 이중특이적 항체는 60℃ 초과, 보다 정확하게는 62℃ 및 63℃ 사이의 용해 온도를 갖는 우수한 열 안정성을 보였다.

[0727] 실시예 A18

[0728] 유세포 분석에 의한 혈장 간섭의 배제

[0729] 인간 혈장 단백질과 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 가능한 상호작용을 결정하기 위하여, 혈장 간섭 시험을 수립하였다. 이를 위하여, 90 % 인간 혈장에서, 37℃에서 한 시간 동안 10  $\mu\text{g/ml}$ 의 각각의 BCMA/CD3 이중특이적 항체를 인큐베이션하였다. 그 후에, 유세포 분석에 의하여 인간 BCMA 발현하는 CHO 세포에 대한 결합력을 결정하였다.

- [0730] 유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu\text{g/ml}$ 의 정제된 항체 50  $\mu\text{l}$ 로, 얼음 중에서 30 min 동안, 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. PBS/2% FCS에서 세포를 두 번 세척하고 묶인 PentaHis 항체 (Qiagen; 50  $\mu\text{l}$  PBS/2% FCS 에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합력을 검출하였다. 세척한 후, PBS/2% FCS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software에 의하여 분석하였다 (Becton Dickinson).
- [0731] 인간 혈장 대신에 PBS를 사용한 대조 어세이와 얻어진 데이터를 비교하였다. 다음과 같이 상대적인 결합력을 계산하였다:
- [0732] (PBS 샘플 신호 / w/o 검출 시약 신호) / (혈장 샘플 신호 / w/o 검출 시약 신호).
- [0733] 이 실험에서, 혈장 단백질에 의하여 매개된 에피토프 클러스터 E3/E4 $\pm$ E7의 각각의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 표적 결합력의 유의한 감소가 없음이 분명해졌다. 모든 경우에서, 상대적인 혈장 간섭 값은  $1.28 \pm 0.38$  및  $1.29 \pm 0.31$  사이였다 ("2" 값은 간섭 신호에 대한 문턱값 보다 낮은 것으로 생각된다).
- [0734] **실시예 A19**
- [0735] **인간 종양 이중이식 모델에서 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 치료 효능**
- [0736] 연구 1일째, 암컷 NOD/SCID 마우스의 오른쪽 뒤 옆구리(right dorsal flank)에  $5 \times 10^6$  세포의 인간 암 세포주 NCI-H929를 피하로 주사하였다.
- [0737] 9일 째에, 평균 종양 부피가 약  $100 \text{ mm}^3$ 에 달하였을 때, 약  $2 \times 10^7$  세포를 동물의 복막강 내로 주사함에 의하여 인 비트로 증식된(expanded) 인간 CD3<sup>+</sup> T 세포를 마우스에 이식하였다. 마우스 비히클 대조군 1 (n=5)은 효과기 세포를 받지않고 T 세포 단독의 종양 성장에 미치는 영향을 모니터하기 위한 비히클 대조군 2 (n=10, 효과기 세포를 받음)와 비교하기 위한, 이식되지 않은 대조로서 사용되었다.
- [0738] 평균 종양 부피가 약  $200 \text{ mm}^3$ 에 달한, 13 일 째에 항체 처리를 시작하였다. 처리 시작 일의 각 처리군의 평균 종양 크기는 다른 어떤 군과 통계적으로 다르지 않았다 (분산의 분석). 17 일 동안 정맥 볼루스(bolus) 주사에 의하여 마우스를 0.5 mg/kg/day의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 BCMA-50 x CD3 (그룹 3, n=8) 로 처리하였다.
- [0739] 연구하는 동안 캘리퍼로 종양을 측정하고 종양 부피 (TV)의 그룹간 비교에 의하여 진행(progress)을 평가하였다.  $T/C\% = 100 \times (\text{분석된 그룹의 평균TV}) / (\text{대조군 2의 평균 TV})$ 로 TV를 계산하여 종양 성장 억제 T/C [%]를 결정하였다. 결과를 표 12 및 도 16에 나타내었다.

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

투여 그룹	데이터	d13	d14	d15	d16	d18	d19	d21	d23	d26	d28	d30
1 비히. 대조 w/o T 세포	med. TV [mm <sup>3</sup> ]	238	288	395	425	543	632	863	1067	1116	1396	2023
	T/C [%]	120	123	127	118	104	114	122	113	87	85	110
2 비히클 대조	med. TV [mm <sup>3</sup> ]	198	235	310	361	525	553	706	942	1290	1636	1839
	T/C [%]	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
3 BCMA- 50	med. TV [mm <sup>3</sup> ]	215	260	306	309	192	131	64.1	0.0	0.0	0.0	0.0
	T/C [%]	108	111	98.6	85.7	36.5	23.7	9.1	0.0	0.0	0.0	0.0

[0740]

[0741]

실시예 A20

[0742]

표적 음성 세포의 용해의 배제

[0743]

5:1의 효과기 세포 대 표적 세포 비율 및 24 시간의 인큐베이션 시간에서, the BCMA-양성 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929 및 정제된 T 세포를 이용하여 인 비트로 용해 어세이를 수행하였다. NCI-H929의 용해에서 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 (BCMA-50)는 높은 효과 및 효능을 보였다. 그러나, 항체의 500 nM까지 BCMA 음성 세포주 HL60 (AML / 골수아세포 모폴로지), MES-SA (자궁 육종, 섬유아세포 모폴로지), 및 SNU-16 (위암, 상피 모폴로지)에서는 용해가 검출되지 않았다.

[0744]

실시예 A21

[0745]

다른 PBMC 아집단(subsets)의 T 세포 활성화의 유도

[0746]

표적 세포로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, L-363 및 OPM-2 및 효과기 세포로서 인간 PBMC (CD4<sup>+</sup> / CD8<sup>+</sup> / CD25<sup>+</sup> / CD69<sup>+</sup>)의 다른 아집단을 이용하여 FACS-기반 세포독성 어세이 (48h; E:T = 10:1)를 수행하였다. 그 결과 (표 13 참조)는, EC<sub>50</sub> 값에 의해 측정된 활성화 정도가 다른 분석된 PBMC 아집단의 범위와 본질적으로 같은 범위에 있음을 보여준다.

표 13: 효과기 세포로서 인간 PBMC 의 다른 아집단 및 표적 세포로서 다른 인간 다발성 골수종 세포주로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서 측정된 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA-50 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 EC50 값 [ng/ml].

세포주	PBMC	EC50 [ng/ml] BCMA-50 x CD3
NCI-H929	CD4 <sup>+</sup> / CD25 <sup>+</sup>	0.88
	CD8 <sup>+</sup> / CD25 <sup>+</sup>	0.38
	CD4 <sup>+</sup> / CD69 <sup>+</sup>	0.41
	CD8 <sup>+</sup> / CD69 <sup>+</sup>	0.15
OPM-2	CD4 <sup>+</sup> / CD25 <sup>+</sup>	5.06
	CD8 <sup>+</sup> / CD25 <sup>+</sup>	1.51
	CD4 <sup>+</sup> / CD69 <sup>+</sup>	3.52
	CD8 <sup>+</sup> / CD69 <sup>+</sup>	0.68
L-363	CD4 <sup>+</sup> / CD25 <sup>+</sup>	0.72
	CD8 <sup>+</sup> / CD25 <sup>+</sup>	0.38
	CD4 <sup>+</sup> / CD69 <sup>+</sup>	0.53
	CD8 <sup>+</sup> / CD69 <sup>+</sup>	0.12

[0747]

[0748] 실시예 A22

[0749] 사이토카인 방출의 유도

[0750] 표적 세포로서 인간 다발성 골수종 세포주 NCI-H929, L-363 및 OPM-2 및 효과기 세포로서 인간 PBMC를 이용하여 FACS-기반 세포독성 어세이 (48h; E:T = 10:1)를 수행하였다. 에피토프 클러스터 E3/E4±E7의 BCMA/CD3 이중특이적 항체의 농도 증가에 따른 사이토카인 방출 [pg/ml]의 수준을 결정하였다. 다음의 사이토카인을 분석하였다: IL-2, IL-6, IL-10, TNF 및 IFN-감마. 결과를 표 14 및 도 17에 나타내었다.

표 14: 효과기 세포로서 인간 PBMC 및 표적 세포로서 다른 인간 다발성 골수종 세포주 (E:T = 10:1)로의 48-시간 FACS-기반 세포독성 어세이에서, 2.5 µg/ml 의 에피토프 클러스터 E3/E4±E7 의 BCMA/CD3 이중특이적 항체 (BCMA-50) 에 의하여 유도된 IL-2, IL-6, IL-10, TNF 및 IFN-감마의 방출 [pg/ml].

세포주	사이토카인 수준 [pg/ml]				
	IL-2	IL-6	IL-10	TNF	IFN-감마
NCI-H929	1865	664	3439	9878	79372
OPM-2	23	99	942	6276	23568
L-363	336	406	3328	4867	69687

[0751]

[0752] 실시예 B

[0753] 실시예 B1

[0754] 키메라 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성

[0755] 키메라 에피토프 맵핑 분자를 구축하기 위하여, 인간 BCMA의 각각의 에피토프 도메인의 아미노산 서열 또는 단



일 아미노산 잔기를 류린 서열로 바꾸었다. 다음의 분자가 구축되었다:

- [0756] ● 인간 BCMA ECD / E1 류린 (서열번호: 1009)
- [0757] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 1 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 1-7)은 각각의 류린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 1-4)로 교체된다.
- [0758] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 1-3의 결실 및 G6Q 변이
  
- [0759] ● 인간 BCMA ECD / E2 류린 (서열번호: 1010)
- [0760] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 2 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 8-21)는 각각의 류린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 5-18)로 교체된다.
- [0761] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 S9F, Q10H, 및 N11S 변이
  
- [0762] ● 인간 BCMA ECD / E3 류린 (서열번호: 1011)
- [0763] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 3 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 24-41)은 각각의 류린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 21-36)로 교체된다.
- [0764] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 31 및 32의 결실 및 Q25H, S30N, L35A, 및 R39P 변이
  
- [0765] ● 인간 BCMA ECD / E4 류린 (서열번호: 1012)
- [0766] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 4 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 42-54)는 각각의 류린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 37-49)로 교체된다.
- [0767] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 N42D, A43P, N47S, N53Y 및 A54T 변이
  
- [0768] ● 인간 BCMA ECD / E5 류린 (서열번호: 1013)
- [0769] 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 22번 위치의 아미노산 잔기 (이소류신)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기 (리신, 19번 위치)로 교체된다.
- [0770] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 I22K 변이
  
- [0771] ● 인간 BCMA ECD / E6 류린 (서열번호: 1014)
- [0772] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 25번 위치의 아미노산 잔기 (글루타민)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기 (히스티딘, 22번 위치)로 교체된다.
- [0773] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 Q25H 변이
  
- [0774] ● 인간 BCMA ECD / E7 류린 (서열번호: 1015)
- [0775] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 30번 위치의 아미노산 잔기 (아르기닌)은 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기 (프롤린, 34번 위치)로 교체된다.
- [0776] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 R39P 변이

[0777] cDNA 구조체를 포유류 발현 벡터 pEF-DHFR내로 클로닝하고 CHO 세포 내로 안정하게 형질감염시켰다. 단일클론 항-인간 BCMA 항체를 이용한 FACS 어세이에서, CHO 세포에서 인간 BCMA이 발현됨을 입증하였다. 단일클론 항-마우스 BCMA-항체로 묶린 BCMA 발현을 검증하였다. BCMA 항체의 사용된 농도는 PBS/2%FCS 중의 10<sup>3</sup> 킬/ml 이었다. 결합된 단일클론 항체를 항-랫트-IgG-Fcy-PE (PBS/2%FCS 중에서 1:100; Jackson-Immuno-Research #112-116-071)로 검출하였다. 음성 대조군으로, 첫 번째 항체를 대신하여 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)의 유세포 분석으로 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)로 분석하였다. 다른 항-BCMA 항체들로 유세포 분석 어세이를 수행하여 인간-묶린 BCMA 키메라로 형질감염된 CHO 세포의 표면 발현을 분석하고 확정하였다 (도 2).

[0778] **실시예 B2**

[0779] **2.1 HEK 293 세포에서 일시적인 발현**

[0780] 제조사의 프로토콜에 따라 FreeStyle 293 발현 시스템 (Invitrogen GmbH, Karlsruhe, Germany)에서 형질감염 (transfection) 및 단백질 발현을 위하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 사용하였다. 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 얻었고, 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 상청액을 보관하였다.

[0781] **2.2 CHO 세포에서 안정한 발현**

[0782] 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 DHFR 결합 CHO 세포로 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) 방법 Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라 DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토타렉세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다. 정지 배양(stationary culture)의 2 세대 후, 수확하기 전에 뉴클레오티드-프리 HyQ PF CHO 액체 쿵 배지(soy medium) (0.1 % 플루로닉 F - 68가 포함된 4.0 mM L-글루타민; HyClone이 포함된)로 7 일 동안 롤러 병(roller bottles)에서 세포를 성장시켰다. 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 보관하였다.

[0783] **실시예 B3**

[0784] **묶린 scFv-단편의 에피토프 클러스터링**

[0785] 인간/마카크 BCMA에 결합하는 scFv를 함유하는 크루드(crude), 비회석된 주변세포질 추출물 (periplasmic extract) 로, 인간 또는 묶린 BCMA, 또는 키메라 BCMA 분자로 형질감염된 세포를 염색하였다. 1 µg/ml의 항-FLAG 항체 (Sigma F1804) 및 R-PE-표지된 항-마우스 Fc 감마-특이적 항체 (1:100; Dianova #115-116-071)로, 결합된 scFv를 검출하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 모든 항체를 회석하였다. 음성 대조군으로, 주변세포질 추출물 대신에 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)에서 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)에 의하여 분석하였다.

[0786] **실시예 B4**

[0787] **가용성 인간 및 마카크 BCMA의 다른 재조합 형태의 조달**

[0788] 순서대로 인간 및 마카크 BCMA의 가용성 융합 단백질, 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc 및 묶린 알부민의 가용성 융합 단백질, 및 오로지 BCMA의 세포외 도메인을 포함하는 가용성 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축을 위하여, 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA (GenBank 등록 번호 NM\_001192 [인간], XM\_001106892 [붉은털 원숭이])로 공개된 서열)의 코딩 서열, 인간 알부민, 인간 Fcγ1 및 묶린 알부민의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.

[0789] 인간 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 붉은털 원숭이(rhesus) (또는, 벵골 원숭이(Macaca mulatta)) BCMA 단백질 각각의 코딩 서열을 함유하도록 변형된 cDNA 단

편을 설계하고, 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 인간 혈청 알부민의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, Flag tag의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈에 의한 프레임에 따라 설계하였다.

[0790] 무린 IgG1와 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계한 다음 설계하고, 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 헥사 히스티딘 tag의 코딩 서열 및 정지 코돈에 의한 프레임에 따라 설계하였다.

[0791] 무린 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하고, 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 무린 혈청 알부민의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, Flag tag의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈에 의한 프레임에 따라 설계하였다.

[0792] 가용성 세포의 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA 각각의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하고, 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, Flag tag의 코딩 서열에 의한 프레임에 따라, 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈에 의한 프레임에 따라, 설계하였다.

[0793] cDNA 단편 또한 설계하여, 단편의 시작과 끝인 제한 부위를 도입하였다. 도입된 제한 부위, 5' 말단의 EcoRI 및 3' 말단의 SalI를 다음의 클로닝 공정에 활용하였다. pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 EcoRI 및 SalI를 통하여 cDNA 단편을 클로닝하였다. 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라, 위에서 기술한 공정을 모두 수행하였다.

#### [0794] 실시예 B5

#### [0795] 인간 및 마카크 BCMA 및 CD3에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정

[0796] 인간 혈청 알부민 (ALB)이 있는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석 실험을 실시하여, BCMA 표적에 결합하는지 여부를 결정하였다. CD3 친화 측정을 위하여, 인간 항체 Fc 부분에 융합된 CD3 엡실론 (CD3e)의 N-말단 27개 아미노산을 가지는 재조합 융합 단백질을 이용하였다. 이 재조합 단백질은 이중특이적 항체에서 CD3 결합체의 에피토프가 있는 인간 CD3e1-27 버전 및 시노몰구스(cynomolgous) CD3e 버전에 존재한다.

[0797] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라 pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 약 100 내지 150 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer; GE Healthcare)에 희석된 것으로, 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. 3 분 동안, 유속을 30 내지 35  $\mu$ l/min로 하고, 그리고 나서 30 내지 35  $\mu$ l/ml의 유속으로, 8 분 동안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer)를 적용하였다. 10 mM 글리신, 0.5 M NaCl, pH 2.45을 이용하여 칩의 재생성(regeneration)을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다. 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

#### [0798] 실시예 B6

#### [0799] 유세포 분석기 분석

[0800] 인간 및 마카크 BCMA로 형질감염된 CHO 세포를 이용한 FACS에서 친화 성숙한 scFv 분자의 기능성 및 결합력을 분석하였다. 요약하면, 얼음 중에서 50 min 동안, 주변세포질 E. coli 세포 추출물의 1:3 연속 희석액 50  $\mu$ l로 약  $10^5$  세포를 인큐베이션하였다. PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드로 세척한 후, 얼음 중에서 40 min 동안, 30  $\mu$ l의 Flag-M2 IgG (Sigma, 1:900 in PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드)로 세포를 인큐베이션하였다. 두 번째 세척

후, 얼음 중에서 40 min 동안 30  $\mu$ l의 R-피코에리트린 (PE)-표지된 염소 항-마우스 IgG (Jackson ImmunoResearch, PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드에서 1:100)로 세포를 인큐베이션하였다. 그리고 나서 세포를 다시 세척하고 200  $\mu$ l PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드에 재부유시켰다. FACSCanto™ 유세포 분석기 (BD)를 이용하여 염색된 세포의 상대적인 형광을 측정하였다. FACS 히스토그램으로 그 결과를 나타내고, 형광 강도의 로그 대 상대적인 세포 수의 그래프를 그렸다 (도 B4 참조).

#### [0801] 실시예 B7

#### [0802] 이종특이적 결합 및 종간 교차-반응 (interspecies cross-reactivity)

유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu$ g/ml의 정제된 이종특이적 분자 50  $\mu$ l로, 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포 주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. PBS/2% FCS에서 세포를 두 번 세척하고 뮤린 PentaHis 항체 (Qiagen; 50  $\mu$ l PBS/2% FCS 에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척 후, PBS/2% FCS에서 1:100으로 희석한 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다.

#### [0804] 실시예 B8

#### [0805] 인간 및 마카크 BCMA에 대한 이종특이적-항체 친화성의 Scatchard-기반 결정

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

[0807] 100 nM에서 시작하는 BCMA 이종특이적 항체 각각의 트리플렛 희석 시리즈(triplet dilution series) (1:2의 8 개 희석)의 각 50  $\mu$ l로, 각각의 세포주 (재조합하여 인간 BCMA-발현하는 CHO 세포주, 재조합하여 마카크 BCMA-발현하는 CHO 세포주)의  $2 \times 10^4$  세포를 인큐베이션하고, 뒤이어 4°C, 교반 하에서 16 h 동안 인큐베이션하고, 하나 남은 세척 단계를 수행하였다. 그리고 나서, 30  $\mu$ l의 항-His Fab/Alexa488 용액 (Micromet; 30  $\mu$ g/ml)으로, 30 min 동안 세포를 추가로 인큐베이션하였다. 한번의 세척 단계 후, 3.5 % 포름알데히드를 함유하는 150  $\mu$ l FACS 버퍼에서 세포를 재부유시키고, 추가 15 min 동안 인큐베이션, 원심분리, FACS 버퍼에서 재부유시키고 FACS CantoII machine 및 FACS Diva software를 이용하여 분석하였다. 두 개의 독립적인 실험 세트로부터 데이터를 생성하였다. 수치를 쌍곡선 결합 곡선(hyperbole binding curve)으로 그렸다. 각각의 Scatchard 분석 결과를 계산하여, 최대 결합(Bmax)을 외삽하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 이종특이적 항체의 농도를 결정하였다. 삼중 측정값을 쌍곡선으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합을 결정하고 각각의 KDs를 계산하였다.

#### [0808] 실시예 B9

#### [0809] 세포독성 활성

#### [0810] 9.1 자극된 인간 T 세포로의 크로뮴 방출 어세이

[0811] 아래에서 기술하는 바와 같이 CD8<sup>+</sup> T 세포가 강화된 자극된 T 세포를 얻었다.

[0812] 37°C에서 1 시간 동안, 1  $\mu$ g/ml의 최종 농도로 상업적으로 구입가능한 항-CD3 특이적 항체 (OKT3, 오르토클론)로 페트리 접시 (145 mm 직경, Greiner bio-one GmbH, Kremsmunster)를 코팅하였다. PBS 한번 세척하여 비결합된 단백질을 제거하였다. 안정화된 글루타민 / 10% FCS / IL-2 20 U/ml (Proleukin® Chiron)가 있는 120 ml의 RPMI 1640가 있는, 전코팅된(precoated) 페트리 접시에  $3-5 \times 10^7$  인간 PBMC를 가하고 2 일 동안 자극하였다. 3일째에, 세포를 모으고 RPMI 1640로 한번 세척하였다. IL-2를 가하여 최종 농도를 20 U/ml로 만들고 위에서와 같은 세포 배양 배지에서 하루 동안 다시 세포를 배양하였다.

[0813] 제조사의 프로토콜에 따라 Dynal-Beads를 이용하여 CD4<sup>+</sup> T 세포 및 CD56<sup>+</sup> NK 세포의 감소에 의하여 CD8<sup>+</sup> 세포독성 T 림프구 (CTLs)를 강화하였다.

[0814] PBS로 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 표적 세포를 두 번 세척하고 37°C에서 60 분 동안 50% FCS가 있는 최종 부피 100  $\mu$ l의 RPMI에서 11.1 MBq <sup>51</sup>Cr으로 표지하였다. 그 후에, 5 ml RPMI로 표지된 표적 세포를 3 번

세척하고 나서 세포독성 어세이에서 사용하였다. 96-웰 플레이트, 10:1의 E:T 비율로 보충된 총 부피 200  $\mu$ l의 RPMI에서, 어세이를 실시하였다. 처음 농도 0.01-1  $\mu$ g/ml인 정제된 이중특이적 항체 및 그의 3배 희석물을 사용하였다. 어세이를 위한 인큐베이션 시간은 18 시간이었다. 최대 용해(Triton-X의 부가) 및 자발적 용해 (효과기 세포 없음)의 차이에 비례하는 상청액에서 방출된 크로뮴의 상대적인 값으로 세포독성을 결정하였다. 모든 측정 은 4번 반복하여 수행하였다. Wizard 3' 감마 카운터 (Perkin Elmer Life Sciences GmbH, Koln, Germany)에서 상청액에서의 크로뮴 활성의 측정을 실시하였다. Windows (버전 5.0, GraphPad Software Inc., San Diego, California, USA) Prism 5로 결과의 분석을 수행하였다. 시그모이드 용량 반응 곡선(simoidal dose response curves) 분석 프로그램에 의하여 계산된 EC50 값을 세포독성 활성을 비교하기 위하여 이용하였다.

## 9.2 비자극된 인간 PBMC로의 FACS-기반 세포독성 어세이

### 효과기 세포의 분리

수혈하기 위한 혈액을 모으는 혈액 은행의 부산물인, 강화된 림프구 제제 (버퍼 코트; buffy coats)로 부터 Ficoll 밀도 그라디언트 원심분리에 의하여 인간 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)를 준비하였다. 지역 혈액 은행에서 버퍼 코트를 제공받았고 혈액을 수집한 날과 동일한 날에 PBMC를 준비하였다. Ficoll 밀도 원심분리 및 Dulbecco의 PBS (Gibco)로의 대규모 세척 후에, 적혈구 용해 버퍼 (155 mM  $\text{NH}_4\text{Cl}$ , 10 mM  $\text{KHCO}_3$ , 100  $\mu$ l EDTA) 로 인큐베이션 하여 PBMC로부터 남아있는 적혈구를 제거하였다. 100 x g에서 PBMC의 원심분리에 따른 상청액을 통하여 혈소판을 제거하였다. 남아있는 림프구는 주로 B 및 T 림프구, NK 세포 및 단핵구를 포함한다. 10% FCS (Gibco)가 있는 RPMI 배지 (Gibco)에서, 37  $^{\circ}\text{C}$ /5%  $\text{CO}_2$  에서 PBMC를 배양하였다.

### CD14<sup>+</sup> 및 CD56<sup>+</sup> 세포의 감소

NK 세포 인간 CD56 MicroBeads (MACS, #130-050-401)의 감소를 위하여, CD14<sup>+</sup> 세포를 감소시키기 위하여, 인간 CD14 MicroBeads (Milteny Biotec, MACS, #130-050-201)를 사용하였다. PBMC를 계수하고 300 x g로 실온에서 10 min 동안 원심분리하였다. 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 [80  $\mu$ l/  $10^7$  세포; PBS (Invitrogen, #20012-043), 0.5% (v/v) FBS (Gibco, #10270-106), 2 mM EDTA (Sigma-Aldrich, #E-6511)]에서 세포 펠렛을 재부유시켰다. CD14 MicroBeads 및 CD56 MicroBeads (20  $\mu$ l/ $10^7$  세포)를 가하고 4 - 8 $^{\circ}\text{C}$ 에서 15 min 동안 인큐베이션하였다. MACS 분리 버퍼 (1 - 2 mL/ $10^7$  세포)로 세포를 세척하였다. 원심분리 (상기 참조) 후, 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 (500  $\mu$ l/ $10^8$  세포)에서 세포를 재부유시켰다. 그리고 나서 LS 컬럼 (Miltenyi Biotec, #130-042-401)를 이용하여 CD14/CD56 음성 세포를 분리하였다. 필요할 때까지, 37 $^{\circ}\text{C}$  인큐베이터에서, RPMI 완전 배지 즉, 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x 비-필수 아미노산 (Biochrom AG, #K0293), 10 mM Hepes 버퍼 (Biochrom AG, #L1613), 1 mM 소듐 피루베이트 (Biochrom AG, #L0473) 및 100 U/mL 페니실린/스트렙토마이신 (Biochrom AG, #A2213)가 보충된 RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215)에서 PBMC w/o CD14+/CD56+ 세포를 배양하였다.

### 표적 세포 표지

유세포 분석 어세이에서 세포 용해를 분석하기 위하여, 형광 멤브레인 다이 DiOC<sub>18</sub> (DiO) (Molecular Probes, #V22886)를 이용하여 표적 세포로서 인간 BCMA- 또는 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포를 표지하고 효과기 세포로부터 그들을 구분하였다. 요약하면, 세포를 수확, PBS로 한번 세척하고, 2 % (v/v) FBS 및 멤브레인 다이 DiO (5  $\mu$ l/ $10^6$  세포)를 함유하는 PBS에서  $10^6$  세포/mL로 조정하였다. 37 $^{\circ}\text{C}$  에서 3 분 동안 인큐베이션한 후, 완전 RPMI 배지에서 세포를 두번 세척하고 세포 수를  $1.25 \times 10^5$  세포/mL로 조정하였다. 0.5 % (v/v) 등장성 EosinG 용액 (Roth, #45380)을 이용하여 세포의 생존력을 결정하였다.

### 유세포 분석 기반 분석

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

DiO-표지된 표적 세포 및 효과기 세포 (즉, PBMC w/o CD14<sup>+</sup> 세포)를 동등한 부피로 혼합하여, E:T 세포 비율을



10:1로 하였다. 이 현탁액 160  $\mu$ l을 96-웰 플레이트의 각 웰로 옮겼다. BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액(serial dilutions) 40  $\mu$ l 및 이중특이적 음성 대조군(무관한 표적 항원을 인지하는 CD3-기반 이중특이적 항체) 또는 추가 음성 대조군으로 RPMI 완전 배지를 가하였다. 7% CO<sub>2</sub> 습식 인큐베이터에서 48 시간 동안 이중 특이적 항체-매개 세포독성 반응을 진행시켰다. 그리고 나서 세포를 새로운 96-웰 플레이트로 옮기고 최종 농도 1  $\mu$ g/mL의 프로피디움 아이오다이드(propidium iodide; PI)를 가하여 표적 세포 멤브레인 완전성(integrity)의 손실을 모니터링하였다. PI는 보통 살아있는 세포로부터 거부되지만 죽은 세포로부터 흡수되어 형광 방사에 의하여 식별가능하게 되는 멤브레인 불투과성 다이이다.

[0825] FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software(Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다.

[0826] DiO-양성 세포로서 표적 세포를 동정하였다. 살아있는 표적 세포로서 PI-음성 표적 세포를 분류하였다. 하기 식에 따라 세포독성 퍼센트를 계산하였다:

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

$$n = \text{횟수}$$

[0827]

[0828] GraphPad Prism 5 software(Graph Pad Software, San Diego)를 이용하여, 상응하는 이중특이적 항체 농도에 대한 세포독성 퍼센트를 도출하였다. 고정된 힐 슬로프로 시그모이드 용량 반응 곡선의 평가를 위하여 네 개의 파라미터 로지스틱 회귀 모델(parametric logistic regression)로 용량 반응 곡선(Dose response curves)을 분석하고 EC50 값을 계산하였다.

## [0829] 실시예 B10

### [0830] BAFF-수용체로의 교차-반응의 배제

[0831] 유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu$ g/mL의 정제된 이중특이적 분자 50  $\mu$ l로 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 세포를 두 번 세척하고 무린 PentaHis 항체(Qiagen; 2% FCS가 있는 PBS 50  $\mu$ l에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척한 후, 2% FCS가 있는 PBS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체(Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software(Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다. 이중특이적 결합체는 BAFF 수용체와 교차-반응을 보이지 않았다.

## [0832] 실시예 B11

### [0833] 세포독성 활성

[0834] 다섯 개의 추가의 인 비트로(in vitro) 세포독성 어세이에서, BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 인간-유사 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 분석하였다:

- [0835] 1. 51-크로뮴 방출 어세이에서, BCMA-양성(인간) 종양 세포주에 대한 리자극된 인간 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [0836] 2. FACS-기반 세포독성 어세이에서, 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [0837] 3. FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA-양성(인간) 종양 세포주에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [0838] 4. 교차-반응성(cross-reactive) BCMA 이중특이적 항체가 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 마카크 T 세포를 리다이렉팅할 수 있음을 확정하기 위하여, 효과기 T 세포로서 마카크 T 세포주로 FACS-기반 세포독

성 어세이를 실시하였다.

[0839] 5. 표적 세포로서 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 인간 T 세포를 이용한 51-크로뎀 방출 어세이에서, BCMA 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 형태 사이의 효과 갭(gap)을 결정하였다.

## [0840] 실시예 C

### [0841] 실시예 C1

#### [0842] 키메라 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성

[0843] 키메라 에피토프 맵핑 분자를 구축하기 위하여, 인간 BCMA의 각각의 에피토프 도메인의 아미노산 서열 또는 단일 아미노산 잔기를 뮤린 서열로 바꾸었다. 다음의 분자가 구축되었다:

#### [0844] ● 인간 BCMA ECD / E1 뮤린 (서열번호: 1009)

[0845] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 1 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 1-7)은 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 1-4)로 교체된다.

[0846] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 1-3의 결실 및 G6Q 변이

#### [0847] ● 인간 BCMA ECD / E2 뮤린 (서열번호: 1010)

[0848] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 2 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 8-21)는 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 5-18)로 교체된다.

[0849] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 S9F, Q10H, 및 N11S 변이

#### [0850] ● 인간 BCMA ECD / E3 뮤린 (서열번호: 1011)

[0851] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 3 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 24-41)은 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 21-36)로 교체된다.

[0852] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 31 및 32의 결실 및 Q25H, S30N, L35A, 및 R39P 변이

#### [0853] ● 인간 BCMA ECD / E4 뮤린 (서열번호: 1012)

[0854] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 4 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 42-54)는 각각의 뮤린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 37-49)로 교체된다.

[0855] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 N42D, A43P, N47S, N53Y 및 A54T 변이

#### [0856] ● 인간 BCMA ECD / E5 뮤린 (서열번호: 1013)

[0857] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 22번 위치의 아미노산 잔기 (이소류신)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 뮤린 아미노산 잔기(리신, 19번 위치)로 교체된다.

[0858] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 I22K 변이

#### [0859] ● 인간 BCMA ECD / E6 뮤린 (서열번호: 1014)

[0860] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 25번 위치의 아미노산

잔기 (글루타민)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기(히스티딘, 22번 위치)로 교체된다.

[0861] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 Q25H 변이

[0862] ● 인간 BCMA ECD / E7 류린 (서열번호: 1015)

[0863] 키메릭 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 30번 위치의 아미노산 잔기 (아르기닌)은 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기 (프롤린, 34번 위치)로 교체된다.

[0864] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 R39P 변이

[0865] cDNA 구조체를 포유류 발현 벡터 pEF-DHFR내로 클로닝하고 CHO 세포 내로 안정하게 형질감염시켰다. 단일클론 항-인간 BCMA 항체를 이용한 FACS 어세이에서, CHO 세포에서 인간 BCMA이 발현됨을 입증하였다. 단일클론 항-마우스 BCMA-항체로 류린 BCMA 발현을 검증하였다. BCMA 항체의 사용된 농도는 PBS/2%FCS 중의 10 µg/ml 이었다. 결합된 단일클론 항체를 항-랫트-IgG-Fcy-PE (PBS/2%FCS 중에서 1:100; Jackson-Immuno-Research #112-116-071)로 검출하였다. 음성 대조군으로, 첫 번째 항체를 대신하여 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)의 유세포 분석으로 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)로 분석하였다. 다른 항-BCMA 항체들로 유세포 분석 어세이를 수행하여 인간-류린 BCMA 키메라로 형질감염된 CHO 세포의 표면 발현을 분석하고 확정하였다 (도 2).

## [0866] 실시예 C2

### [0867] 2.1 HEK 293 세포에서 일시적인 발현

[0868] 제조사의 프로토콜에 따라 FreeStyle 293 발현 시스템 (Invitrogen GmbH, Karlsruhe, Germany)에서 형질감염 (transfection) 및 단백질 발현을 위하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 사용하였다. 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 얻었고, 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20℃ 에서 상청액을 보관하였다.

### [0869] 2.2 CHO 세포에서 안정한 발현

[0870] 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 DHFR 결합 CHO 세포로 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) 방법 Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라 DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토티렉세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다. 정치 배양(stationary culture)의 2 세대 후, 수확하기 전에 뉴클레오시드-프리 HyQ PF CHO 액체 콩 배지(soy medium) (0.1 % 플루로닉 F - 68가 포함된 4.0 mM L-글루타민; HyClone이 포함된)로 7 일 동안 롤러 병(roller bottles)에서 세포를 성장시켰다. 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 보관하였다.

## [0871] 실시예 C3

### [0872] 류린 scFv-단편의 에피토프 클러스터링

[0873] 인간/마카크 BCMA에 결합하는 scFv를 함유하는 크루드(crude), 비회석된 주변세포질 추출물 (periplasmic extract) 로, 인간 또는 류린 BCMA, 또는 키메릭 BCMA 분자로 형질감염된 세포를 염색하였다. 1 µg/ml의 항-FLAG 항체 (Sigma F1804) 및 R-PE-표지된 항-마우스 Fc 감마-특이적 항체 (1:100; Dianova #115-116-071)로, 결합된 scFv를 검출하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 모든 항체를 회석하였다. 음성 대조군으로, 주변세포질 추출물 대신에 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)에서 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)에 의하여 분석하였다.

## [0874] 실시예 C4

- [0875] **가용성 인간 및 마카크 BCMA의 다른 재조합 형태의 조달**
- [0876] 순서대로 인간 및 마카크 BCMA의 가용성 융합 단백질, 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc 및 뮤린 알부민의 가용성 융합 단백질, 및 오로지 BCMA의 세포의 도메인을 포함하는 가용성 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축을 위하여, 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA (GenBank 등록 번호 NM\_001192 [인간], XM\_001106892 [붉은털 원숭이])로 공개된 서열)의 코딩 서열, 인간 알부민, 인간 Fcγ1 및 뮤린 알부민의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.
- [0877] 인간 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 붉은털 원숭이(rhesus) (또는, 벵골 원숭이(Macaca mulatta)) BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0878] 뮤린 IgG1과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 헥사히스티딘 tag의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0879] 뮤린 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 뮤린 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0880] 가용성 세포의 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA 각각의 세포의 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.
- [0881] cDNA 단편을 설계하여 또한 단편의 시작과 끝인 제한 부위를 도입하였다. 도입된 제한 부위, 5' 말단의 EcoRI 및 3' 말단의 SalI를 다음의 클로닝 공정에 활용하였다. pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 EcoRI 및 SalI를 통하여 cDNA 단편을 클로닝하였다. 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라, 위에서 기술한 공정을 모두 수행하였다.
- [0882] **실시예 C5**
- [0883] **인간 및 마카크 BCMA 및 CD3에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정**
- [0884] 인간 혈청 알부민 (ALB)이 있는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석 실험을 실시하여, BCMA 표적에 결합하는지 여부를 결정하였다. CD3 친화 측정을 위하여, 인간 항체 Fc 부분에 융합된 CD3 엡실론 (CD3e)의 N-말단 27개 아미노산을 가지는 재조합 융합 단백질을 이용하였다. 이 재조합 단백질은 이중특이적 항체에서 CD3 결합체의 에피토프가 있는 인간 CD3e1-27 버전 및 시노몰구스(cynomolgus) CD3e 버전에 존재한다.
- [0885] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라 pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 약 100 내지 150 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer; GE Healthcare)에 희석된 것으로, 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. 3 min 동안, 유속을 30 내지 35  $\mu\text{l}/\text{min}$ 로 하고, 그리고 나서 30 내지 35  $\mu\text{l}/\text{ml}$ 의 유속으로, 8 min 동안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer)를 적용하였다. 10 mM 글리신, 0.5 M NaCl, pH 2.45을

이용하여 칩의 재생성(regeneration)을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다. 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

[0886]

#### [0887] 실시예 C6

[0888]

#### 유세포 분석기 분석

[0889]

인간 및 마카크 BCMA로 형질감염된 CHO 세포를 이용한 FACS에서 친화 성숙한 scFv 분자의 기능성 및 결합력을 분석하였다. 요약하면, 얼음 중에서 50 min 동안, 주변세포질 E. coli 세포 추출물의 1:3 연속 희석액 50  $\mu$ l로 약  $10^5$  세포를 인큐베이션하였다. PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드로 세척한 후, 얼음 중에서 40 min 동안, 30  $\mu$ l의 Flag-M2 IgG (Sigma, 1:900 in PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드)로 세포를 인큐베이션하였다. 두번째 세척 후, 얼음 중에서 40 min 동안 30  $\mu$ l의 R-피코에리트린 (PE)-표지된 염소 항-마우스 IgG (Jackson ImmunoResearch, PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드에서 1:100)로 세포를 인큐베이션하였다. 그리고 나서 세포를 다시 세척하고 200  $\mu$ l PBS/10%FCS/0.05% 소듐 아지드에 재부유시켰다. FACSCanto™ 유세포 분석기 (BD)를 이용하여 염색된 세포의 상대적인 형광을 측정하였다. FACS 히스토그램으로 그 결과를 나타내고, 형광 강도의 로그 대 상대적인 세포수의 그래프를 그렸다 (도 C4 참조).

[0890]

#### 실시예 C7

[0891]

#### 이종특이적 결합 및 종간 교차-반응 (interspecies cross-reactivity)

[0892]

유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu$ g/ml의 정제된 이종특이적 분자 50  $\mu$ l로, 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포 주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. PBS/2% FCS에서 세포를 두 번 세척하고 묶인 PentaHis 항체 (Qiagen; 50  $\mu$ l PBS/2% FCS 에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척 후, PBS/2% FCS에서 1:100으로 희석한 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다.

[0893]

#### 실시예 C8

[0894]

#### 인간 및 마카크 BCMA에 대한 이종특이적-항체 친화성의 Scatchard-기반 결정

[0895]

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

[0896]

100 nM에서 시작하는 BCMA 이종특이적 항체 각각의 트리플렛 희석 시리즈(triplet dilution series) (1:2의 8 개 희석)의 각 50  $\mu$ l로, 각각의 세포주 (재조합하여 인간 BCMA-발현하는 CHO 세포주, 재조합하여 마카크 BCMA-발현하는 CHO 세포주)의  $2 \times 10^4$  세포를 인큐베이션하고, 뒤이어 4°C, 교반 하에서 16 h 동안 인큐베이션하고, 하나 남은 세척 단계를 수행하였다. 그리고 나서, 30  $\mu$ l의 항-His Fab/Alexa488 용액 (Micromet; 30  $\mu$ g/ml)으로, 30 min 동안 세포를 추가로 인큐베이션하였다. 한번의 세척 단계 후, 3.5 % 포름알데히드를 함유하는 150  $\mu$ l FACS 버퍼에서 세포를 재부유시키고, 추가 15 min 동안 인큐베이션, 원심분리, FACS 버퍼에서 재부유시키고 FACS CantoII machine 및 FACS Diva software를 이용하여 분석하였다. 두 개의 독립적인 실험 세트로부터 데이터를 생성하였다. 수치를 쌍곡선 결합 곡선(hyperbole binding curve)으로 그렸다. 각각의 Scatchard 분석 결과를 계산하여, 최대 결합(Bmax)을 외삽하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 이종특이적 항체의 농도를 결정하였다. 삼중 측정 값을 쌍곡선으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합을 결정하고 각각의 KDs를 계산하였다.

[0897]

#### 실시예 C9

[0898]

#### 세포독성 활성

[0899]

9.1 자극된 인간 T 세포로 크로뎀 방출 어세이



- [0900] 아래에서 기술하는 바와 같이  $CD8^+$  T 세포가 강화된 자극된 T 세포를 얻었다.
- [0901] 37°C에서 1 시간 동안, 1  $\mu$ l/ml의 최종 농도로 상업적으로 구입가능한 항-CD3 특이적 항체 (OKT3, 오르토클론)로 페트리 접시 (145 mm 직경, Greiner bio-one GmbH, Kremsmunster)를 코팅하였다. PBS 한번 세척하여 비결합된 단백질을 제거하였다. 안정화된 글루타민 / 10% FCS / IL-2 20 U/ml (Proleukin® Chiron)가 있는 120 ml의 RPMI 1640가 있는, 전코팅된(precoated) 페트리 접시에  $3-5 \times 10^7$  인간 PBMC를 가하고 2 일 동안 자극하였다. 3 일째에, 세포를 모으고 RPMI 1640로 한번 세척하였다. IL-2를 가하여 최종 농도를 20 U/ml로 만들고 위에서와 같은 세포 배양 배지에서 하루 동안 다시 세포를 배양하였다.
- [0902] 제조사의 프로토콜에 따라 Dynal-Beads를 이용하여  $CD4^+$  T 세포 및  $CD56^+$  NK 세포의 감소에 의하여  $CD8^+$  세포독성 T 림프구 (CTLs)를 강화하였다.
- [0903] PBS로 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 표적 세포를 두 번 세척하고 37°C에서 60 분 동안 50% FCS가 있는 최종 부피 100  $\mu$ l의 RPMI에서 11.1 MBq  $^{51}Cr$ 으로 표지하였다. 그 후에, 5 ml RPMI로 표지된 표적 세포를 3 번 세척하고 나서 세포독성 어세이에서 사용하였다. 96-웰 플레이트, 10:1의 E:T 비율로 보충된 총 부피 200  $\mu$ l의 RPMI에서, 어세이를 실시하였다. 처음 농도 0.01-1  $\mu$ g/ml인 정제된 이중특이적 항체 및 그의 3배 희석물을 사용하였다. 어세이를 위한 인큐베이션 시간은 18 시간이었다. 최대 용해(Triton-X의 부가) 및 자발적 용해 (효과기 세포 없음)의 차이에 비례하는 상청액에서 방출된 크로뮴의 상대적인 값으로 세포독성을 결정하였다. 모든 측정 은 4번 반복하여 수행하였다. Wizard 3' 감마 카운터 (Perkin Elmer Life Sciences GmbH, Koln, Germany)에서 상청액에서의 크로뮴 활성의 측정을 실시하였다. Windows (버전 5.0, GraphPad Software Inc., San Diego, California, USA) Prism 5로 결과의 분석을 수행하였다. 시그모이드 용량 반응 곡선(simoidal dose response curves) 분석 프로그램에 의하여 계산된 EC50 값을 세포독성 활성을 비교하기 위하여 이용하였다.
- [0904] 9.2 비자극된 인간 PBMC로 FACS-기반 세포독성 어세이
- [0905] **효과기 세포의 분리**
- [0906] 수혈하기 위한 혈액을 모으는 혈액 은행의 부산물인, 강화된 림프구 제제 (버퍼 코트; buffy coats)로 부터 Ficoll 밀도 그라디언트 원심분리에 의하여 인간 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)를 준비하였다. 지역 혈액 은행에서 버퍼 코트를 제공받았고 혈액을 수집한 날과 동일한 날에 PBMC를 준비하였다. Ficoll 밀도 원심분리 및 Dulbecco의 PBS (Gibco)로의 대규모 세척 후에, 적혈구 용해 버퍼 (155 mM  $NH_4Cl$ , 10 mM  $KHCO_3$ , 100  $\mu$ l EDTA)로 인큐베이션 하여 PBMC로부터 남아있는 적혈구를 제거하였다. 100 x g에서 PBMC의 원심분리에 따른 상청액을 통하여 혈소판을 제거하였다. 남아있는 림프구는 주로 B 및 T 림프구, NK 세포 및 단핵구를 포함한다. 10% FCS (Gibco)가 있는 RPMI 배지 (Gibco)에서, 37°C/5%  $CO_2$  에서 PBMC를 배양하였다.
- [0907]  **$CD14^+$  및  $CD56^+$  세포의 감소**
- [0908] NK 세포 인간  $CD56$  MicroBeads (MACS, #130-050-401)의 감소를 위하여,  $CD14^+$  세포를 감소시키기 위하여, 인간  $CD14$  MicroBeads (Milteny Biotec, MACS, #130-050-201)를 사용하였다. PBMC를 계수하고 300 x g로 실온에서 10 min 동안 원심분리하였다. 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 [ $80 \mu$ l/  $10^7$  세포; PBS (Invitrogen, #20012-043), 0.5% (v/v) FBS (Gibco, #10270-106), 2 mM EDTA (Sigma-Aldrich, #E-6511)]에서 세포 펠렛을 재부유시켰다.  $CD14$  MicroBeads 및  $CD56$  MicroBeads ( $20 \mu$ l/ $10^7$  세포)를 가하고 4 - 8°C에서 15 min 동안 인큐베이션하였다. MACS 분리 버퍼 (1 - 2 mL/ $10^7$  세포)로 세포를 세척하였다. 원심분리 (상기 참조) 후, 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 ( $500 \mu$ l/ $10^8$  세포)에서 세포를 재부유시켰다. 그리고 나서 LS 컬럼 (Milteny Biotec, #130-042-401)를 이용하여  $CD14/CD56$  음성 세포를 분리하였다. 필요할 때까지, 37°C 인큐베이터에서, RPMI 완전 배지 즉, 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x 비-필수 아미노산 (Biochrom AG, #K0293), 10 mM Hepes 버퍼 (Biochrom AG, #L1613), 1 mM 소듐 피루베이트 (Biochrom AG, #L0473) 및 100 U/mL 페니실린/스트렙토마이신 (Biochrom AG, #A2213)가 보충된 RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215)에서 PBMC w/o  $CD14^+/CD56^+$  세포를 배양하였다.

[0909] **표적 세포 표지**

[0910] 유세포 분석 어세이에서 세포 용해를 분석하기 위하여, 형광 멤브레인 다이 DiOC<sub>18</sub> (DiO) (Molecular Probes, #V22886)를 이용하여 표적 세포로서 인간 BCMA- 또는 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포를 표지하고 효과기 세포로부터 그들을 구분하였다. 요약하면, 세포를 수확, PBS로 한번 세척하고, 2 % (v/v) FBS 및 멤브레인 다이 DiO (5  $\mu$ l/10<sup>6</sup> 세포)를 함유하는 PBS에서 10<sup>6</sup> 세포/mL로 조정하였다. 37℃ 에서 3 min 동안 인큐베이션한 후, 완전 RPMI 배지에서 세포를 두 번 세척하고 세포 수를 1.25 x 10<sup>5</sup> 세포/mL로 조정하였다. 0.5 % (v/v) 등장성 EosinG 용액 (Roth, #45380)을 이용하여 세포의 생존력을 결정하였다.

[0911] **유세포 분석 기반 분석**

[0912] BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액의 존재 하에서의 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포의 용해를 정량하기 위하여 이 어세이를 설계하였다.

[0913] DiO-표지된 표적 세포 및 효과기 세포 (즉, PBMC w/o CD14<sup>+</sup> 세포)를 동등한 부피로 혼합하여, E:T 세포 비율을 10:1로 하였다. 이 현탁액 160  $\mu$ l을 96-웰 플레이트의 각 웰로 옮겼다. BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액 (serial dilutions) 40  $\mu$ l 및 이중특이적 음성 대조군 (무관한 표적 항원을 인지하는 CD3-기반 이중특이적 항체) 또는 추가 음성 대조군으로 RPMI 완전 배지를 가하였다. 7% CO<sub>2</sub> 습식 인큐베이터에서 48 시간 동안 이중 특이적 항체-매개 세포독성 반응을 진행시켰다. 그리고 나서 세포를 새로운 96-웰 플레이트로 옮기고 최종 농도 1  $\mu$ g/mL의 프로피디움 아이오다이드 (propidium iodide; PI)를 가하여 표적 세포 멤브레인 완전성(integrity)의 손실을 모니터링하였다. PI는 보통 살아있는 세포로부터 거부되지만 죽은 세포로부터 흡수되어 형광 방사에 의하여 식별가능하게 되는 멤브레인 불투과성 다이이다.

[0914] FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다.

[0915] DiO-양성 세포로서 표적 세포를 동정하였다. 살아있는 표적 세포로서 PI-음성 표적 세포를 분류하였다. 하기 식에 따라 세포독성 퍼센트를 계산하였다:

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

$$n = \text{횟수}$$

[0916]

[0917] GraphPad Prism 5 software (Graph Pad Software, San Diego)를 이용하여, 상응하는 이중특이적 항체 농도에 대한 세포독성 퍼센트를 도시하였다. 고정된 힐 슬로프로 시그모이드 용량 반응 곡선의 평가를 위하여 네 개의 파라미터 로지스틱 회귀 모델(parametric logistic regression)로 용량 반응 곡선(Dose response curves)을 분석하고 EC50 값을 계산하였다.

[0918] **실시예 C10**

[0919] **BAFF-수용체로의 교차-반응의 배제**

[0920] 유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu$ g/ml의 정제된 이중특이적 분자 50  $\mu$ l로 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포 주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 세포를 두번 세척하고 무린 PentaHis 항체 (Qiagen; 2% FCS가 있는 PBS 50  $\mu$ l에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척한 후, 2% FCS가 있는 PBS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다. 이중특이적 결합체는 BAFF 수용체와 교차-반응을 보이지 않았다.

[0921] **실시예 C11**

[0922] **세포독성 활성**

- [0923] 다섯 개의 추가의 인 비트로(in vitro) 세포독성 어세이에서, BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 인간-유사 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 분석하였다:
- [0924] 1. 51-크로뎀 방출 어세이에서, BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 자극된 인간 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [0925] 2. FACS-기반 세포독성 어세이에서, 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [0926] 3. FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [0927] 4. 교차-반응성(cross-reactive) BCMA 이중특이적 항체가 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 마카크 T 세포를 리다이렉팅할 수 있음을 확정하기 위하여, 효과기 T 세포로서 마카크 T 세포주로 FACS-기반 세포독성 어세이를 실시하였다.
- [0928] 5. 표적 세포로서 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 인간 T 세포를 이용한 51-크로뎀 방출 어세이에서, BCMA 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 형태 사이의 효과 갭(gap)을 결정하였다.

[0929] **실시예 D**

[0930] **실시예 D1**

[0931] **키메릭 BCMA를 발현하는 CHO 세포의 생성**

[0932] 키메릭 에피토프 맵핑 분자를 구축하기 위하여, 인간 BCMA의 각각의 에피토프 도메인의 아미노산 서열 또는 단일 아미노산 잔기를 무린 서열로 바꾸었다. 다음의 분자가 구축되었다:

[0933] ● 인간 BCMA ECD / E1 무린 (서열번호: 1009)

[0934] 키메릭 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 1 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 1-7)은 각각의 무린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 1-4)로 교체된다.

[0935] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 1-3의 결실 및 G6Q 변이

[0936] ● 인간 BCMA ECD / E2 무린 (서열번호: 1010)

[0937] 키메릭 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 2 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 8-21)는 각각의 무린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 5-18)로 교체된다.

[0938] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 S9F, Q10H, 및 N11S 변이

[0939] ● 인간 BCMA ECD / E3 무린 (서열번호: 1011)

[0940] 키메릭 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 3 (서열번호: 1002 또는 1007의 아미노산 잔기 24-41)은 각각의 무린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 21-36)로 교체된다.

[0941] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 아미노산 잔기 31 및 32의 결실 및 Q25H, S30N, L35A, 및 R39P 변이

[0942] ● 인간 BCMA ECD / E4 무린 (서열번호: 1012)

[0943] 키메릭 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 에피토프 클러스터 4 (서열번호: 1002 또는 1007의

아미노산 잔기 42-54)는 각각의 류린 클러스터 (서열번호: 1004 또는 1008의 아미노산 잔기 37-49)로 교체된다.

[0944] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 N42D, A43P, N47S, N53Y 및 A54T 변이

[0945] ● 인간 BCMA ECD / E5 류린 (서열번호: 1013)

[0946] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 22번 위치의 아미노산 잔기 (이소류신)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기(리신, 19번 위치)로 교체된다.

[0947] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 I22K 변이

[0948] ● 인간 BCMA ECD / E6 류린 (서열번호: 1014)

[0949] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 25번 위치의 아미노산 잔기 (글루타민)는 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기(히스티딘, 22번 위치)로 교체된다.

[0950] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 Q25H 변이

[0951] ● 인간 BCMA ECD / E7 류린 (서열번호: 1015)

[0952] 키메라 세포의 BCMA 도메인: 인간 세포의 BCMA 도메인에서 서열번호: 1002 또는 1007의 30번 위치의 아미노산 잔기 (아르기닌)은 서열번호: 1004 또는 1008의 각각의 류린 아미노산 잔기 (프롤린, 34번 위치)로 교체된다.

[0953] → 서열번호: 1002 또는 1007에서 R39P 변이

[0954] cDNA 구조체를 포유류 발현 벡터 pEF-DHFR내로 클로닝하고 CHO 세포 내로 안정하게 형질감염시켰다. 단일클론 항-인간 BCMA 항체를 이용한 FACS 어세이에서, CHO 세포에서 인간 BCMA이 발현됨을 입증하였다. 단일클론 항-마우스 BCMA-항체로 류린 BCMA 발현을 검증하였다. BCMA 항체의 사용된 농도는 PBS/2%FCS 중의 10  $\mu$ g/ml 이었다. 결합된 단일클론 항체를 항-랫트-IgG-Fcy-PE (PBS/2%FCS 중에서 1:100; Jackson-Immuno-Research #112-116-071)로 검출하였다. 음성 대조군으로, 첫 번째 항체를 대신하여 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)의 유세포 분석으로 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)로 분석하였다. 다른 항-BCMA 항체들로 유세포 분석 어세이를 수행하여 인간-류린 BCMA 키메라로 형질감염된 CHO 세포의 표면 발현을 분석하고 확정하였다 (도 2).

## [0955] 실시예 D2

### [0956] 2.1 HEK 293 세포에서 일시적인 발현

[0957] 제조사의 프로토콜에 따라 FreeStyle 293 발현 시스템 (Invitrogen GmbH, Karlsruhe, Germany)에서 형질감염 (transfection) 및 단백질 발현을 위하여, 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 사용하였다. 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 얻었고, 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 상청액을 보관하였다.

### [0958] 2.2 CHO 세포에서 안정한 발현

[0959] 구조체의 진핵세포 발현을 위하여 서열-입증된 뉴클레오티드 서열이 있는 발현 플라스미드의 클론을 DHFR 결합 CHO 세포로 형질감염시켰다. Kaufman R.J. (1990) 방법 Enzymol. 185, 537-566에 개시된 바에 따라 DHFR 결합 CHO 세포에서 진핵세포 단백질 발현을 실시하였다. 최종 농도가 20 nM MTX가 될 때까지 메토틱렉세이트 (MTX)의 농도를 증가시켜, 구조체의 유전자 증폭을 유도하였다. 정지 배양(stationary culture)의 2 세대 후, 수확하기 전에 뉴클레오티드-프리 HyQ PF CHO 액체 쿵 배지(soy medium) (0.1 % 플루로닉 F - 68가 포함된 4.0 mM L-글루타민; HyClone이 포함된)로 7 일 동안 롤러 병(roller bottles)에서 세포를 성장시켰다. 원심분리에 의하여 세포를 제거하고 -20 °C에서 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 보관하였다.

[0960] **실시예 D3**

[0961] **뮤린 scFv-단편의 에피토프 클러스터링**

[0962] 인간/마카크 BCMA에 결합하는 scFv를 함유하는 크루드(crude), 비회석된 주변세포질 추출물 (periplasmic extract) 로, 인간 또는 뮤린 BCMA, 또는 키메릭 BCMA 분자로 형질감염된 세포를 염색하였다. 1 킬/ml의 항-FLAG 항체 (Sigma F1804) 및 R-PE-표지된 항-마우스 Fc 감마-특이적 항체 (1:100; Dianova #115-116-071)로, 결합된 scFv를 검출하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 모든 항체를 희석하였다. 음성 대조군으로, 주변세포질 추출물 대신에 PBS/2% FCS로 세포를 인큐베이션하였다. FACSCanto II instrument (Becton Dickinson)에서 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FlowJo software (버전 7.6)에 의하여 분석하였다.

[0963] **실시예 D4**

[0964] **가용성 인간 및 마카크 BCMA의 다른 재조합 형태의 조달**

[0965] 순서대로 인간 및 마카크 BCMA의 가용성 융합 단백질, 순서대로 인간 알부민, 인간 IgG1 Fc 및 뮤린 알부민의 가용성 융합 단백질, 및 오로지 BCMA의 세포외 도메인을 포함하는 가용성 단백질을 인코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축을 위하여, 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA (GenBank 등록 번호 NM\_001192 [인간], XM\_001106892 [붉은털 원숭이])로 공개된 서열)의 코딩 서열, 인간 알부민, 인간 Fc $\gamma$ 1 및 뮤린 알부민의 코딩 서열을 사용하였다. 가용성 인간 및 마카크 BCMA 단백질을 발현하는 구조체를 생성하기 위하여, 위에서 기술한 전장 BCMA cDNAs의 PCR 돌연변이유발 및 표준 프로토콜에 따른 분자 클로닝에 의하여 cDNA 단편을 얻었다.

[0966] 인간 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 붉은털 원숭이(rhesus) (또는, 벵골 원숭이(Macaca mulatta)) BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0967] 뮤린 IgG1과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인 각각에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는, 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 헥사히스티딘 tag의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0968] 뮤린 알부민과 융합하기 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA의 세포외 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly4-Ser1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 뮤린 혈청 알부민의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0969] 가용성 세포외 도메인 구조체를 위하여, 먼저 구조체의 진핵세포 발현을 위한 Kozak 부위 및 다음 인간 및 붉은털 원숭이 BCMA 각각의 세포외 도메인에 상응하는 1 내지 54 및 1 내지 53 아미노산을 포함하는 인간 및 마카크 BCMA 단백질 각각의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 인공 Ser1-Gly1-링커의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 Flag tag의 코딩 서열, 뒤이은 프레임으로 변형된 히스티딘 tag (SGHHGGHHGGHH)의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 변형된 cDNA 단편을 설계하였다.

[0970] cDNA 단편을 설계하여 또한 단편의 시작과 끝인 제한 부위를 도입하였다. 도입된 제한 부위, 5' 말단의 EcoRI 및 3' 말단의 SalI를 다음의 클로닝 공정에 활용하였다. pEF-DHFR (pEF-DHFR은 Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150에 기술된다)로 지정된 플라스미드로 EcoRI 및 SalI를 통하여 cDNA 단편을 클로닝하였다. 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라, 위에서 기술한 공정을 모두 수행하였다.



[0971] **실시예 D5**

[0972] **인간 및 마카크 BCMA 및 CD3에 대한 이중특이적 항체 친화성의 Biacore-기반 결정**

[0973] 인간 혈청 알부민 (ALB)이 있는 재조합 BCMA 융합 단백질을 이용하여 Biacore 분석 실험을 실시하여, BCMA 표적에 결합하는지 여부를 결정하였다. CD3 친화 측정을 위하여, 인간 항체 Fc 부분에 융합된 CD3 엡실론 (CD3e)의 N-말단 27개 아미노산을 가지는 재조합 융합 단백질을 이용하였다. 이 재조합 단백질은 이중특이적 항체에서 CD3 결합체의 에피토프가 있는 인간 CD3e1-27 버전 및 시노몰구스(cynomolgous) CD3e 버전에 존재한다.

[0974] 상세하게는, 제조사의 매뉴얼에 따라 pH4.5의 아세트이트 버퍼를 이용하여, 약 100 내지 150 RU의 각각의 재조합 항원으로 CM5 센서 칩 (GE Healthcare)을 고정하였다. 이중특이적 항체 샘플을 다섯 개의 농도로 로딩하였다: HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer; GE Healthcare)에 희석된 것으로, 50 nM, 25 nM, 12.5 nM, 6.25 nM 및 3.13 nM. 3 min 동안, 유속을 30 내지 35  $\mu\text{l}/\text{min}$ 로 하고, 그리고 나서 30 내지 35  $\mu\text{l}/\text{ml}$ 의 유속으로, 8 min 동안 다시 HBS-EP 러닝 버퍼(running buffer)를 적용하였다. 10 mM 글리신, 0.5 M NaCl, pH 2.45을 이용하여 칩의 재생성(regeneration)을 실시하였다. BiaEval Software를 이용하여 데이터 세트를 분석하였다 (도 D4 참조). 일반적으로 두 번의 독립적인 실험을 실시하였다.

[0975]

[0976] **실시예 D6**

[0977] **이중특이적 결합 및 종간 교차-반응 (interspecies cross-reactivity)**

[0978] 유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu\text{g}/\text{ml}$ 의 정제된 이중특이적 분자 50  $\mu\text{l}$ 로, 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. PBS/2% FCS에서 세포를 두 번 세척하고 묶인 PentaHis 항체 (Qiagen; 50  $\mu\text{l}$  PBS/2% FCS에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척 후, PBS/2% FCS에서 1:100으로 희석한 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다.

[0979] **실시예 D7**

[0980] **인간 및 마카크 BCMA에 대한 이중특이적-항체 친화성의 Scatchard-기반 결정**

[0981] Scatchard 분석을 위하여, 각각의 세포주에 대한 이중특이적 항체의 1가 결합을 정확하게 결정하는, Micromet (항-His Fab/Alexa 488)에서 개발한 1가 검출 시스템을 이용하여 포화 결합 실험을 실시하였다.

[0982] 100 nM에서 시작하는 BCMA 이중특이적 항체 각각의 트리플렛 희석 시리즈(triplet dilution series) (1:2의 8개 희석)의 각 50  $\mu\text{l}$ 로, 각각의 세포주 (재조합하여 인간 BCMA-발현하는 CHO 세포주, 재조합하여 마카크 BCMA-발현하는 CHO 세포주)의  $2 \times 10^4$  세포를 인큐베이션하고, 뒤이어 4°C, 교반 하에서 16 h 동안 인큐베이션하고, 하나 남은 세척 단계를 수행하였다. 그리고 나서, 30  $\mu\text{l}$ 의 항-His Fab/Alexa488 용액 (Micromet; 30  $\mu\text{g}/\text{ml}$ )으로, 30 min 동안 세포를 추가로 인큐베이션하였다. 한번의 세척 단계 후, 3.5 % 포름알데히드를 함유하는 150  $\mu\text{l}$  FACS 버퍼에서 세포를 재부유시키고, 추가 15 min 동안 인큐베이션, 원심분리, FACS 버퍼에서 재부유시키고 FACS CantoII machine 및 FACS Diva software를 이용하여 분석하였다. 두 개의 독립적인 실험 세트로부터 데이터를 생성하였다. 수치를 쌍곡선 결합 곡선(hyperbole binding curve)으로 그렸다. 각각의 Scatchard 분석 결과를 계산하여, 최대 결합(Bmax)을 외삽하였다. 각각의 KDs를 반영하는 최대 결합 절반 값(half-maximal binding)에서의 이중특이적 항체의 농도를 결정하였다. 삼중 측정 값을 쌍곡선으로 도시하였다. Scatchard evaluation을 이용하여 최대 결합을 결정하고 각각의 KDs를 계산하였다.

[0983] **실시예 D8**

[0984] **세포독성 활성**

[0985] 8.1 자극된 인간 T 세포로 크로뎀 방출 어레이

- [0986] 아래에서 기술하는 바와 같이  $CD8^+$  T 세포가 강화된 자극된 T 세포를 얻었다.
- [0987]  $37^\circ\text{C}$ 에서 1 시간 동안,  $1\ \mu\text{g}/\text{ml}$ 의 최종 농도로 상업적으로 구입가능한 항-CD3 특이적 항체 (OKT3, 오르토클론)로 페트리 접시 (145 mm 직경, Greiner bio-one GmbH, Kremsmunster)를 코팅하였다. PBS 한번 세척하여 비결합된 단백질을 제거하였다. 안정화된 글루타민 / 10% FCS / IL-2 20 U/ml (Proleukin® Chiron)가 있는 120 ml의 RPMI 1640가 있는, 전코팅된(precoated) 페트리 접시에  $3-5 \times 10^7$  인간 PBMC를 가하고 2 일 동안 자극하였다. 3일째에, 세포를 모으고 RPMI 1640로 한번 세척하였다. IL-2를 가하여 최종 농도를 20 U/ml로 만들고 위에서와 같은 세포 배양 배지에서 하루 동안 다시 세포를 배양하였다.
- [0988] 제조사의 프로토콜에 따라 Dynal-Beads를 이용하여  $CD4^+$  T 세포 및  $CD56^+$  NK 세포의 감소에 의하여  $CD8^+$  세포독성 T 림프구 (CTLs)를 강화하였다.
- [0989] PBS로 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 표적 세포를 두번 세척하고  $37^\circ\text{C}$ 에서 60 분 동안 50% FCS가 있는 최종 부피 100  $\mu\text{l}$ 의 RPMI에서 11.1 MBq  $^{51}\text{Cr}$ 으로 표지하였다. 그 후에, 5 ml RPMI로 표지된 표적 세포를 3 번 세척하고 나서 세포독성 어세이에서 사용하였다. 96-웰 플레이트, 10:1의 E:T 비율로 보충된 총 부피 200  $\mu\text{l}$ 의 RPMI에서, 어세이를 실시하였다. 처음 농도 0.01-1  $\mu\text{g}/\text{ml}$ 인 정제된 이중특이적 항체 및 그의 3배 희석물을 사용하였다. 어세이를 위한 인큐베이션 시간은 18 시간이었다. 최대 용해(Triton-X의 부가) 및 자발적 용해 (효과기 세포 없음)의 차이에 비례하는 상청액에서 방출된 크로뮴의 상대적인 값으로 세포독성을 결정하였다. 모든 측정은 4번 반복하여 수행하였다. Wizard 3' 감마 카운터 (Perkin Elmer Life Sciences GmbH, Koln, Germany)에서 상청액에서의 크로뮴 활성의 측정을 실시하였다. Windows (버전 5.0, GraphPad Software Inc., San Diego, California, USA) Prism 5로 결과의 분석을 수행하였다. 시그모이드 용량 반응 곡선(simoidal dose response curves) 분석 프로그램에 의하여 계산된 EC50 값을 세포독성 활성을 비교하기 위하여 이용하였다(도 D5 참조).
- [0990] 8.2 비자극된 인간 PBMC로 FACS-기반 세포독성 어세이
- [0991] **효과기 세포의 분리**
- [0992] 수혈하기 위한 혈액을 모으는 혈액 은행의 부산물인, 강화된 림프구 제제 (버퍼 코트; buffy coats)로 부터 Ficoll 밀도 그라디언트 원심분리에 의하여 인간 말초 혈액 단핵세포 (PBMC)를 준비하였다. 지역 혈액 은행에서 버퍼 코트를 제공받았고 혈액을 수집한 날과 동일한 날에 PBMC를 준비하였다. Ficoll 밀도 원심분리 및 Dulbecco의 PBS (Gibco)로의 대규모 세척 후에, 적혈구 용해 버퍼 ( $155\ \text{mM}\ \text{NH}_4\text{Cl}$ ,  $10\ \text{mM}\ \text{KHCO}_3$ ,  $100\ \mu\text{M}\ \text{EDTA}$ )로 인큐베이션 하여 PBMC로부터 남아있는 적혈구를 제거하였다.  $100 \times g$ 에서 PBMC의 원심분리에 따른 상청액을 통하여 혈소판을 제거하였다. 남아있는 림프구는 주로 B 및 T 림프구, NK 세포 및 단핵구를 포함한다. 10% FCS (Gibco)가 있는 RPMI 배지 (Gibco)에서,  $37^\circ\text{C}/5\%\ \text{CO}_2$ 에서 PBMC를 배양하였다.
- [0993]  **$CD14^+$  및  $CD56^+$  세포의 감소**
- [0994] NK 세포 인간  $CD56$  MicroBeads (MACS, #130-050-401)의 감소를 위하여,  $CD14^+$  세포를 감소시키기 위하여, 인간  $CD14$  MicroBeads (Milteny Biotec, MACS, #130-050-201)를 사용하였다. PBMC를 계수하고  $300 \times g$ 로 실온에서 10 min 동안 원심분리하였다. 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 [ $80\ \mu\text{l}/10^7$  세포; PBS (Invitrogen, #20012-043), 0.5% (v/v) FBS (Gibco, #10270-106), 2 mM EDTA (Sigma-Aldrich, #E-6511)]에서 세포 펠렛을 재부유시켰다.  $CD14$  MicroBeads 및  $CD56$  MicroBeads ( $20\ \mu\text{l}/10^7$  세포)를 가하고  $4 - 8^\circ\text{C}$ 에서 15 min 동안 인큐베이션하였다. MACS 분리 버퍼 ( $1 - 2\ \text{mL}/10^7$  세포)로 세포를 세척하였다. 원심분리 (상기 참조) 후, 상청액을 버리고 MACS 분리 버퍼 ( $500\ \mu\text{l}/10^8$  세포)에서 세포를 재부유시켰다. 그리고 나서 LS 컬럼 (Milteny Biotec, #130-042-401)를 이용하여  $CD14/CD56$  음성 세포를 분리하였다. 필요할 때까지,  $37^\circ\text{C}$  인큐베이터에서, RPMI 완전 배지 즉, 10% FBS (Biochrom AG, #S0115), 1x 비-필수 아미노산 (Biochrom AG, #K0293), 10 mM Hepes 버퍼 (Biochrom AG, #L1613), 1 mM 소듐 피루베이트 (Biochrom AG, #L0473) 및 100 U/mL 페니실린/스트렙토마이신 (Biochrom AG, #A2213)가 보충된 RPMI1640 (Biochrom AG, #FG1215)에서 PBMC w/o  $CD14^+/CD56^+$  세포를 배양하였다.

[0995] **표적 세포 표지**

[0996] 유세포 분석 어세이에서 세포 용해를 분석하기 위하여, 형광 멤브레인 다이 DiOC<sub>18</sub> (DiO) (Molecular Probes, #V22886)를 이용하여 표적 세포로서 인간 BCMA- 또는 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포를 표지하고 효과기 세포로부터 그들을 구분하였다. 요약하면, 세포를 수확, PBS로 한번 세척하고, 2 % (v/v) FBS 및 멤브레인 다이 DiO (5  $\mu$ l/10<sup>6</sup> 세포)를 함유하는 PBS에서 10<sup>6</sup> 세포/mL로 조정하였다. 37℃ 에서 3 min 동안 인큐베이션한 후, 완전 RPMI 배지에서 세포를 두번 세척하고 세포 수를 1.25 x 10<sup>5</sup> 세포/mL로 조정하였다. 0.5 % (v/v) 등장성 EosinG 용액 (Roth, #45380)을 이용하여 세포의 생존력을 결정하였다.

[0997] **유세포 분석 기반 분석**

[0998] BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액의 존재 하에서의 마카크 또는 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포의 용해를 정량하기 위하여 이 어세이를 설계하였다.

[0999] DiO-표지된 표적 세포 및 효과기 세포 (즉, PBMC w/o CD14<sup>+</sup> 세포)를 동등한 부피로 혼합하여, E:T 세포 비율을 10:1로 하였다. 이 현탁액 160  $\mu$ l을 96-웰 플레이트의 각 웰로 옮겼다. BCMA 이중특이적 항체의 연속 희석액 (serial dilutions) 40  $\mu$ l 및 이중특이적 음성 대조군 (무관한 표적 항원을 인지하는 CD3-기반 이중특이적 항체) 또는 추가 음성 대조군으로 RPMI 완전 배지를 가하였다. 7% CO<sub>2</sub> 습식 인큐베이터에서 48 시간 동안 이중 특이적 항체-매개 세포독성 반응을 진행시켰다. 그리고 나서 세포를 새로운 96-웰 플레이트로 옮기고 최종 농도 1  $\mu$ g/mL의 프로피디움 아이오다이드 (propidium iodide; PI)를 가하여 표적 세포 멤브레인 완전성(integrity)의 손실을 모니터링하였다. PI는 보통 살아있는 세포로부터 거부되지만 죽은 세포로부터 흡수되어 형광 방사에 의하여 식별가능하게 되는 멤브레인 불투과성 다이이다.

[1000] FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다.

[1001] DiO-양성 세포로서 표적 세포를 동정하였다. 살아있는 표적 세포로서 PI-음성 표적 세포를 분류하였다. 하기 식에 따라 세포독성 퍼센트를 계산하였다:

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

$$n = \text{횟수}$$

[1002]

[1003] GraphPad Prism 5 software (Graph Pad Software, San Diego)를 이용하여, 상응하는 이중특이적 항체 농도에 대한 세포독성 퍼센트를 도출하였다. 고정된 힐 슬로프로 시그모이드 용량 반응 곡선의 평가를 위하여 네 개의 파라미터 로지스틱 회귀 모델(parametric logistic regression)로 용량 반응 곡선(Dose response curves)을 분석하고 EC50 값을 계산하였다.

[1004] **실시예 D9**

[1005] **BAFF-수용체로의 교차-반응의 배제**

[1006] 유세포 분석을 위하여, 농도 5  $\mu$ g/ml의 정제된 이중특이적 분자 50  $\mu$ l로 얼음 중에서 30 min 동안 각각의 세포 주의 200,000 세포를 인큐베이션하였다. 2% FCS가 있는 PBS에서 세포를 두번 세척하고 무린 PentaHis 항체 (Qiagen; 2% FCS가 있는 PBS 50  $\mu$ l에서 1:20으로 희석)로 구조체의 결합을 검출하였다. 세척한 후, 2% FCS가 있는 PBS에서 1:100으로 희석된, 피코에리트린에 컨쥬게이트된 Fc 감마-특이적 항체 (Dianova)로 결합된 PentaHis 항체를 검출하였다. FACSCanto II instrument(Becton Dickinson)상의 유세포 분석에 의하여 샘플을 측정하고 FACSDiva software (Becton Dickinson)에 의하여 샘플을 분석하였다. 이중특이적 결합체는 BAFF 수용체와 교차-반응을 보이지 않았다.

[1007] **실시예 D10**

- [1008] **세포독성 활성**
- [1009] 다섯 개의 추가의 인 비트로(in vitro) 세포독성 어세이에서, BCMA-발현하는 표적 세포에 대한 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 인간-유사 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 분석하였다:
- [1010] 1. 51-크로뮴 방출 어세이에서, BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 자극된 인간 효과기 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [1011] 2. FACS-기반 세포독성 어세이에서, 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [1012] 3. FACS-기반 세포독성 어세이에서 BCMA-양성 (인간) 종양 세포주에 대한 비자극된 인간 PBMC의 T 세포의 리다이렉팅에서의 BCMA 이중특이적 항체의 효과를 측정하였다.
- [1013] 4. 교차-반응성(cross-reactive) BCMA 이중특이적 항체가 마카크 BCMA-형질감염된 CHO 세포에 대한 마카크 T 세포를 리다이렉팅할 수 있음을 확정하기 위하여, 효과기 T 세포로서 마카크 T 세포주로 FACS-기반 세포독성 어세이를 실시하였다.
- [1014] 5. 표적 세포로서 인간 BCMA-형질감염된 CHO 세포 및 효과기 세포로서 자극된 인간 T 세포를 이용한 51-크로뮴 방출 어세이에서, BCMA 이중특이적 항체의 모노머 및 다이머 형태 사이의 효과 갭(gap)을 결정하였다.

SEQ ID NO	Designation	Designation	Format / source	Type	Sequence
1	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH CDR1	aa	NYDMA
2	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH CDR2	aa	SIITSGDATYYRDSVKG
3	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFAV
4	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
5	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT
6	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
7	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGDATYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHVDYDGSYGFAVWGQGLTVVSE
8	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIYGASNRHTGIPARFSGSG GREFTLTISLQSEDFAVYCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK
9	BCMA-1	BC 5G9 91-C7-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGDATYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHVDYDGSYGFAVWGQGLTVVSSGGSGGGGGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIYGASNRHTGIPARFSGSG SGREFTLTISLQSEDFAVYCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK
10	BCMA-1 HL x CD3 HL	BC 5G9 91-C7-B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGDATYYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYCVRHVDYDGSYGFAVWGQGLTVVSSGGSGGGGGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIYGASNRHTGIPARFSGSG SGREFTLTISLQSEDFAVYCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK LSCAASGFTENKYNWVRQAPGKLEWVASIIRSYNNATYYADSVKDRFTISRDNKNTLYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNGFNYSIYNWYWGQGLTVVSSGGSGGGGGGGGQTAVTQEPSTVTS PGTIVTLTCGSSTGAVTSGNYPNHWVQKPGQAPRLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYLVNRRWVFGSGTKLTVL
11	BCMA-2	BC 5G9 91-C7-D8	VH CDR1	aa	NYDMA

[1015]



12	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYRDSVKG
13	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VH CDR3	aa	HDYYGSGYGFAY
14	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
15	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT
16	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL CDR3	aa	IQYGSIFFT
17	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVQPGRLRLSCAASGFTFSNYDMAWVQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGAYWGQGLTAVTSSGGGGSGGGSGGG FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGAYWGQGLTAVTSS
18	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWTQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSSGSG GREFTLTISLQSEDFAVYYCLQYGSIPFTFGGTRVDIK
19	BCMA-2	BC 5G9 91- C7-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVQPGRLRLSCAASGFTFSNYDMAWVQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGAYWGQGLTAVTSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWTQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSSG GSGREFTLTISLQSEDFAVYYCLQYGSIPFTFGGTRVDIK
20	BCMA-2 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- C7-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVQPGRLRLSCAASGFTFSNYDMAWVQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGAYWGQGLTAVTSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWTQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSSG GSGREFTLTISLQSEDFAVYYCLQYGSIPFTFGGTRVDIK LSCAASGFTFNKYAMNVTWVQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSYKGRFTISRDNKNTLYLQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNEGNSIYWAYWGQGLTAVTSSGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGG PGGTWTLTCSSTGAVTSGNYPNWTQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSSGSLGGKAAALTLGGV QFEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
21	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH CDR1	aa	NYDMA
22	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH CDR2	aa	SIITSGDATYYRDSVKG
23	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH CDR3	aa	HDYYGSGYGFAY
24	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD

[1016]

25	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT	
26	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
27	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVASIITSGDATYYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSS	
28	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWIQQKPGQAPRLILYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLQSEDFAVYCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK	
29	BCMA-3	BC 5G9 91- E4-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVASIITSGDATYYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWIQQKPGQAPRLILYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK	
30	BCMA-3 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- E4-B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVASIITSGDATYYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWIQQKPGQAPRLILYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYCLQYGSIPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVARIRSKNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLRTEDTAVYCVRHGNGFNISYWAYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGGGSGTAVTQEPSTLTVS PGTIVTLTCGSSSTGAVTSGNYPNWVQOKFGQAPRGLIGGTFKFLAFTPARFSGSLGKKAALTLSGV QPEDEAEYTCVLWYSNRWFGGGLTVL	
31	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH CDR1	aa	NYDMA	
32	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYRDSVKG	
33	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFAV	
34	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD	
35	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT	
36	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
37	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLEWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQMNLSRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGLTVTVSS	

[1017]

38	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLSQSEDAFYVYCIQYGSIPFTFGPGTKVDIK
39	BCMA-4	BC 5G9 91- E4-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGFRSLRLSRAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLOMNSLRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGTLLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDAFYVYCIQYGSIPFTFGPGTKVDIK
40	BCMA-4 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- E4-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGFRSLRLSRAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLOMNSLRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGTLLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCAKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDAFYVYCIQYGSIPFTFGPGTKVDIK
41	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH CDR1	aa	NYDMA
42	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH CDR2	aa	SIITSGDATYYRDSVKG
43	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFAF
44	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
45	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT
46	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIPET
47	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGFRSLRLSRAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLOMNSLRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGTLLVTVSS
48	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	VL	aa	EIVMTQSPASMSVSPGERATLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLSQSEDAFYVYCIQYGSIPFTFGPGTKVDIK
49	BCMA-5	BC 5G9 91- D2-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGFRSLRLSRAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLOMNSLRSEDFAVYCVRHDIYDGSYGFAYWGQGTLLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSEIVMTQSPASMSVSPGERATLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLSQSEDAFYVYCIQYGSIPFTFGPGTKVDIK

[1018]

[1019]

50	BCMA-5 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- D2-B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGTFLTVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGPTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDNSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGFGNSYISYVAYWGQGTFLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGSGTAVTQEPGILTVS PGGTVLTTCGSGTCAVTSNYPNVRQKQAPRGLIGGTFKFLAEPGTPARFSGSLLGGKAAITLSGV QPEDEAEIYCVLMYSNRNVEGGGTALTLYL
51	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH CDR1	aa	NYDMA
52	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH CDR2	aa	SIITSGDMTYRDSVKG
53	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGFAV
54	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
55	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT
56	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
57	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGTFLTVTVSS GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGPTKVDIK
58	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	VL	aa	QVQLVESGGGVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGTFLTVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGPTKVDIK
59	BCMA-6	BC 5G9 91- D2-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGTFLTVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGPTKVDIK
60	BCMA-6 HL x CD3 HL	BC 5G9 91- D2-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASIITSGDMTYRDSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYYCVRHDIYDGSYGFAVWGQGTFLTVTVSSGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPASMSVSEGERATLSCKASQSVGINVDWYQOKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQSEDFAVYICLQYGSIPFTFGPTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDNSKNTAYLQMN



[1020]

61	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH CDR1	aa	NYDMA	NLKTEDTAVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQGTLTVTSVGGGGGGGGGGGGGGGGTQVTVVQPPSLTVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTAPFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVGGGTKLTVL
62	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH CDR2	aa	SLITTSGDATYYRDSVKG	
63	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH CDR3	aa	HDYDGSYGFAV	
64	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD	
65	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL CDR2	aa	GASNRHT	
66	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL CDR3	aa	LQYGSIFPT	
67	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSRLRSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLIEWVASIIITSGDATYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQNNISLRAEITAVYCVRHYYDGSYGFAWGQGTLTVTSV	
68	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	VL	aa	EIVMTQSPATLVSFGERATVLSCKASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLQAEDEAVYCYQVGSIPFTFGPGTKVDIK	
69	BCMA-7	BC 5G9 92- E10-B10	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSRLRSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLIEWVASIIITSGDATYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQNNISLRAEITAVYCVRHYYDGSYGFAWGQGTLTVTSVGGGGGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPATLVSFGERATVLSCKASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDEAVYCYQVGSIPFTFGPGTKVDIK	
70	BCMA-7 HL x CD3 HL	BC 5G9 92- E10B10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGRSRLRSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLIEWVASIIITSGDATYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQNNISLRAEITAVYCVRHYYDGSYGFAWGQGTLTVTSVGGGGGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPATLVSFGERATVLSCKASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDEAVYCYQVGSIPFTFGPGTKVDIK	
71	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH CDR1	aa	NYDMA	NLKTEDTAVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQGTLTVTSVGGGGGGGGGGGGGGGGTQVTVVQPPSLTVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTAPFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVGGGTKLTVL



72	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH CDR2	aa	SLITSGDMTYIRDSVKG
73	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH CDR3	aa	HDYDGSYGfAY
74	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
75	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL CDR2	aa	GASNRHT
76	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL CDR3	aa	LQYGSIPET
77	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VH	aa	QVQLVESGGGVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASITSGDMTYIRDSVKGR FTVSRDNGKNTLYLQMNSLRAEDTAVYICVRHDYDGSYGfAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGG FTVSRDNGKNTLYLQMNSLRAEDTAVYICVRHDYDGSYGfAYWGQGLTVTVSS
78	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCAASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLQAEDEFAYYICLYGSIPTFGGTRKVDIK
79	BCMA-8	BC 5G9 92- E10-D8	scFv	aa	QVQLVESGGGVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASITSGDMTYIRDSVKGR FTVSRDNGKNTLYLQMNSLRAEDTAVYICVRHDYDGSYGfAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCAASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDEFAYYICLYGSIPTFGGTRKVDIK
80	BCMA-8 HL x CD3 HL	BC 5G9 92- E10-D8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKLEWVASITSGDMTYIRDSVKGR FTVSRDNGKNTLYLQMNSLRAEDTAVYICVRHDYDGSYGfAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCAASQSVGINVDWYQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDEFAYYICLYGSIPTFGGTRKVDIKSGSGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMHWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGGGGSGTIVTQEPSTLTVS PGGTWTLTGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLIGGKRAALTLSGV QPEDEAEYICVLWYSNRWVFGGTRKLTIVL
81	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH CDR1	aa	NYWIIH
82	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH CDR2	aa	AIYFGNSDTHYNKFGG
83	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH CDR3	aa	SSYYVDGSLFAS
84	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL CDR1	aa	RS9QSIVHSHNGNTLY

[1021]

85	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
86	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL CDR3	aa	FQGSLPFT	
87	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRSSYYDGSLSFASWGQGLVTVSS	
88	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	VL	aa	DIVMTQTPLSLSPGQPASISCRSSQSIHVSNGNTLYLYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDFR SGSGSTDTTLKISRVEADGVYCFQGSTLPFTFQGGTKLEIK	
89	BCMA-9	BC H1 38- D2-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRSSYYDGSLSFASWGQGLVTVSSGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSPGQPASISCRSSQSIHVSNGNTLYLYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDF RFGSGSGTDTTLKISRVEADGVYCFQGSTLPFTFQGGTKLEIK	
90	BCMA-9 HL x CD3 HL	BC H1 38- D2-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRSSYYDGSLSFASWGQGLVTVSSGGSGGGSGGG GSDIVMTQTPLSLSPGQPASISCRSSQSIHVSNGNTLYLYLQKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDF RFGSGSGTDTTLKISRVEADGVYCFQGSTLPFTFQGGTKLEIKSGGGSGGGSGGGGLVQF GSSLKLSAASGFTFNKYAMNWVRQAPGRGLEWVARIRSKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQMNLTEDTAIVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVSSGGSGGGSGGGSGGSGTIVTQEP SLTVSPGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKLAPGTFARFSGSLGGKAAL TISGYQPEDEAEYYCVLWYSNRWFVGGGTFVL	
91	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH CDR1	aa	NYWIIH	
92	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNQKPGQ	
93	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH CDR3	aa	SSYYIDGSLFAS	
94	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL CDR1	aa	RSSQSIHVSNGNTLY	
95	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
96	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL CDR3	aa	FQGSLLPFT	
97	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLIEWIGALYPGNSDTHYNQKPGK	

[1022]

						VTITRSTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSSYVYDGSIFASWGQGLVTVSS
98	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	VL	aa		DIAMTQTPLSLSVSPGQPASISCRSSQSIVHNGNTLYWYLQKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDTTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSGLPFTFGQGTLEIK
99	BCMA-10	BC H1 38- D2-F12	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK VTITRDTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSSYVYDGSIFASWGQGLVTVSSGGSGSGSGSGGG GSDIWMQTQPLSLSVSPGQPASISCRSSQSIVHNGNTLYWYLQKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDTTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSGLPFTFGQGTLEIK
100	BCMA-10 HL x CD3 HL	BC H1 38- D2-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK VTITRDTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSSYVYDGSIFASWGQGLVTVSSGGSGSGSGSGGG GSDIWMQTQPLSLSVSPGQPASISCRSSQSIVHNGNTLYWYLQKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDTTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSGLPFTFGQGTLEIK
101	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH CDR1	aa		NYWIH
102	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH CDR2	aa		AIYPGNSDTHYNQKFOG
103	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH CDR3	aa		SSYYVDGSLFAS
104	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL CDR1	aa		KSSQSLVHNGNTLY
105	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL CDR2	aa		RVSNRFS
106	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL CDR3	aa		FQGSTLPFT
107	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK VTITRDTASTAMELSSLTSEDIAVYCTRSSYVYDGSIFASWGQGLVTVSS
108	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	VL	aa		DIAMTQTPLSLSVTPGQQASISCRSSQSIVHNGNTLYWYLQKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDTTLKISRVEAEDVGVIYCFQGSGLPFTFGQGTLEIK
109	BCMA-11	BC H1 38- C1-A4	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLWIGATYPGNSDTHYNQKFOGK

[1023]

[1024]

110	BCMA-11 HL x CD3 HL	BC H1 38- C1-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVSFTPGQQAISICKSSQSIYHNSNGNTIYLYWYLOKPGQPPOLLIIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCFQGSSTLPFTFGQGTLEIK
111	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH CDR1	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVSFTPGQQAISICKSSQSIYHNSNGNTIYLYWYLOKPGQPPOLLIIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCFQGSSTLPFTFGQGTLEIKKSGGGSEVQLVESGGGLVQP GGSLKLSKAASGTFNRYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNIYATYADSVKDRFTISRDDSKNTA YIOMNLIKTEDTAIVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGGSGTIVTVQEP SLTVSPGGTIVLTGSGSTGAVTSGNIPNWVQKPGQAPRGLIGSTKFLAPGTPARFSGSLIGKRAAL TILSGVQPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGTKLTVL
112	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNQKFGQ
113	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH CDR3	aa	SSYYDGSIFAS
114	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL CDR1	aa	KSSQSIYHNSNGNTIY
115	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL CDR2	aa	RYSNRFS
116	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL CDR3	aa	FQGSHPFT
117	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSS
118	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	VL	aa	DIVMTQTPLSLVSFTPGQQAISICKSSQSIYHNSNGNTIYLYWYLOKPGQPPOLLIIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCFQGSSTLPFTFGQGTLEIK
119	BCMA-12	BC H1 38- C1-F12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIVMTQTPLSLVSFTPGQQAISICKSSQSIYHNSNGNTIYLYWYLOKPGQPPOLLIIYRVSNRFSGVDP RFGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCFQGSSTLPFTFGQGTLEIK
120	BCMA-12 HL x CD3 HL	BC H1 38- C1-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFITNYIHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGK VTITRDTASTAYMELSLTSEDTAIVYCTRRSSYYDGSIFASWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGG



						GSDIVMTQTPLSLSVTPGQQAISICKSSQSIVHSNGNTLYLWYLOKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDFTLKISRVEADVGYYCFQGSGLPFTFGQSTKLEIKSGGGSEVLVESGGGLVQP GSSLKLSAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQNNLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGQTVVTVQEP SLTVSPGGTTLTCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAAL TSLGVQPEDEAEYICVLNYSNRNVFEGGKTLTVL
121	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH CDR1	aa	NYWIIH	
122	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNNQKFGQ	
123	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH CDR3	aa	SSYYVDGSLFAS	
124	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL CDR1	aa	KSSQSIIVHSNGNTLY	
125	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
126	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL CDR3	aa	FGGSTLPFT	
127	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VH	aa	QVQLVQSGRAVAKPGASVKYSCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLRWNGAIYPGNSDTHYNNQKFGGR VTLTDTSTASTAYMELSSLRNEDTAVYCTRSSYYVDGSLFASWGQGLTVTVSS	
128	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	VL	aa	DIIVMTQTPLSLSVTPGQQAISICKSSQSIIVHSNGNTLYLWYLOKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDPRE SGSGSGTDFTLKISRVEADVGYYCFQGSGLPFTFGQSTKLEIK	
129	BCMA-13	BC H1 39- B2-A4	scFv	aa	QVQLVQSGRAVAKPGASVKYSCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLRWNGAIYPGNSDTHYNNQKFGGR VTLTDTSTASTAYMELSSLRNEDTAVYCTRSSYYVDGSLFASWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGG GSDIVMTQTPLSLSVTPGQQAISICKSSQSIIVHSNGNTLYLWYLOKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDFTLKISRVEADVGYYCFQGSGLPFTFGQSTKLEIK	
130	BCMA-13 HL x CD3 HL	BC H1 39- B2-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGRAVAKPGASVKYSCKASGYTFNTYWIHWKQAPGQRLRWNGAIYPGNSDTHYNNQKFGGR VTLTDTSTASTAYMELSSLRNEDTAVYCTRSSYYVDGSLFASWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGG GSDIVMTQTPLSLSVTPGQQAISICKSSQSIIVHSNGNTLYLWYLOKPGQPQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGSGSGTDFTLKISRVEADVGYYCFQGSGLPFTFGQSTKLEIKSGGGSEVLVESGGGLVQP GSSLKLSAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQNNLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGSGGGSGGGSGGQTVVTVQEP SLTVSPGGTTLTCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGKKAAL	



						TLGGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVGGGKLTVL
131	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH CDR1	aa		NYWIIH
132	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH CDR2	aa		AIYPGNSDTHYNQKFG
133	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH CDR3	aa		SSYYDDGSLFAS
134	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL CDR1	aa		KSSQSIIVHNGNTYLY
135	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL CDR2	aa		RVSNRFS
136	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL CDR3	aa		FQGSHPFT
137	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VH	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLKLEWMGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYYIDGSLFASWGQGLTIVTSSGGGGSGGGGG GSDIVMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIIVHNGNTYLYWYLDKPGQPPQQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK
138	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	VL	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLKLEWMGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYYIDGSLFASWGQGLTIVTSSGGGGSGGGGG GSDIVMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIIVHNGNTYLYWYLDKPGQPPQQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK
139	BCMA-14	BC H1 39- B2-F12	scFv	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLKLEWMGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYYIDGSLFASWGQGLTIVTSSGGGGSGGGGG GSDIVMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIIVHNGNTYLYWYLDKPGQPPQQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK
140	BCMA-14 HL x CD3 HL	BC H1 39- B2-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAVVAKPGASVKVSKASGYTFITNYWIHWKQAPGQRLKLEWMGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTDTTSASTAYMELSSLRNEDTAVYICTRSYYIDGSLFASWGQGLTIVTSSGGGGSGGGGG GSDIVMTQTPLSLSVTFGQQASISCKSSQSIIVHNGNTYLYWYLDKPGQPPQQLLIYRVSNRFSGVDP RFSGGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCFQGSGLPFTFGQGTKLEIK
141	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH CDR1	aa		SYWIIH
142	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH CDR2	aa		AIYPGNSDTHYNQKFG

143	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH CDR3	aa	SSYYDGSIFAD	
144	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNTLY	
145	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL CDR2	aa	RVSNRFS	
146	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL CDR3	aa	FQGSTLPFT	
147	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKRPGTSVKVSKKASGYTFSTYNIHWKQAPGQRLIEWIGALVPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSSLRSEDSAVYYCTRSYYDGSIFADWGQGTLTIVSS	
148	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	VL	aa	DIWMTQTPLSLVTPGGQPASISCKSSQSIHSGNNTLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDFR SGSGSGTDTLTLSRVEAEDGVYFCFGSTLPFTFGQGTKEIK	
149	BCMA-15	BC H1 39- C9-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKRPGTSVKVSKKASGYTFSTYNIHWKQAPGQRLIEWIGALVPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSSLRSEDSAVYYCTRSYYDGSIFADWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGG GSDIVMTQTPLSLVTPGGQPASISCKSSQSIHSGNNTLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDFR RFSGSGSGTDTLTLSRVEAEDGVYFCFGSTLPFTFGQGTKEIK	
150	BCMA-15 HL x CD3 HL	BC H1 39- C9-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKRPGTSVKVSKKASGYTFSTYNIHWKQAPGQRLIEWIGALVPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSSLRSEDSAVYYCTRSYYDGSIFADWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGG GSDIVMTQTPLSLVTPGGQPASISCKSSQSIHSGNNTLYWYLOKPGQPPQLLIYRVSNRFSGVDFR RFSGSGSGTDTLTLSRVEAEDGVYFCFGSTLPFTFGQGTKEIKSGGGGSEVLVESGGGLVQP GGLSLKLSAASGFTFNKYAMNWVROAPGRLWVARIRSNNTYATYVADSVKDRFTISRDDSKNTA YLOMNNLKTEDTAVYYCVRHNGNEGNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGSGGSGQTIVTQEP SLITVSPGGTIVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTKFLAAGTTPARFSGSLGGKAAL TISGVQPEDEAEYYCYLVNIYNNRNVFGGCKLTVL	
151	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH CDR1	aa	SYWIIH	
152	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH CDR2	aa	AIYPGNSDTHYNQKFEQG	
153	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH CDR3	aa	SSYYDGSIFAD	
154	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNTLY	
155	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL CDR2	aa	RVSNRFS	

[1027]

156	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL CDR3	aa	FGGSHLPFT
157	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGTSTVKVSKASGYTFTSYLHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSLRSEDSAVYYCTRSSYYDGSLFADWGQGTITVTVSS
158	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	VL	aa	DIWMTQTPILSVTFPGQPASTISCKSSQSIHVSNGNTYLYWYLOKFGPPQLLIYRYVSNRFSGVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDGVYYCFQGSGLPFTFGGQTKLEIK
159	BCMA-16	BC H1 39- C9-F12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGTSTVKVSKASGYTFTSYLHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSLRSEDSAVYYCTRSSYYDGSLFADWGQGTITVTVSSGGSGGGGGGG GSDIWMQTPILSVTFPGQPASTISCKSSQSIHVSNGNTYLYWYLOKFGPPQLLIYRYVSNRFSGVDFR RFGSGGTDFTLKISRVEAEDGVYYCFQGSGLPFTFGGQTKLEIK
160	BCMA-16 HL x CD3 HL	BC H1 39- C9-F12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGTSTVKVSKASGYTFTSYLHWVKQAPGQRLIEWIGAIYPGNSDTHYNQKFGGR VTLTRDTASTAYMELSLRSEDSAVYYCTRSSYYDGSLFADWGQGTITVTVSSGGSGGGGGGG GSDIWMQTPILSVTFPGQPASTISCKSSQSIHVSNGNTYLYWYLOKFGPPQLLIYRYVSNRFSGVDFR RFGSGGTDFTLKISRVEAEDGVYYCFQGSGLPFTFGGQTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQP GGSLKLSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGQLEWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YIQMNNLKTEDTAVYYCVRHNGEFGNSYIISYWAYWGQGTITVTVSSGGSGGGGGGGSGTIVVTQEP SLTVSPGGTITLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLAPGT PARTSGSLLGKRAAL TLSGVQPEDEAEYFCVLMYSNRNVFEGGQTKLTVL
161	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH CDR1	aa	NFDMA
162	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH CDR2	aa	STTTGADHAIYADSVKG
163	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH CDR3	aa	HGYIDGYHLFDY
164	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN
165	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL CDR2	aa	YTSNLQS
166	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL CDR3	aa	QQYDSSYT
167	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VH	aa	EYQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSFNEDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYIQMDSLRVEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTITVTVSS
168	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYITSNLQSGVPSRFSGSGS

[1028]

		D7-E6				aa	scFv		GTDTYTLTISSLPQPEDFATYYCQYDISSYTFGQGTKLEIK
169	BCMA-17	BC C3 33- D7-E6				aa			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITICRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYYCQYDISSYTFGQGTKLEIK
170	BCMA-17 HL x CD3 HL	BC C3 33- D7-E6 HL x CD3 HL		bispecific molecule		aa			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITICRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYYCQYDISSYTFGQGTKLEIK
171	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VH CDR1		aa			QPEDEAEYYCVLMYSNRWVEGGTKLTVL
172	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VH CDR2		aa			NFDMA
173	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VH CDR3		aa			SLITGADHAIYADSVK
174	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VL CDR1		aa			HGYVDGYHLFDY
175	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VL CDR2		aa			RASQGISNYLN
176	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VL CDR3		aa			YTSNLSQ
						aa			MGQTISST
177	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VH		aa			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSS
178	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		VL		aa			DIQMTQSPSSLSASVGRVITICRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITICRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYYCMGQTISSYTFGQGTKLEIK
179	BCMA-18	BC C3 33- D7-E6B1		scFv		aa			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDTQMTQSPSSLSASVGRVITICRASQGISNYLNWYQKPGKAPKPLIYYTSNLSQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYYCMGQTISSYTFGQGTKLEIK



180	BCMA-18 HL x CD3 HL	BC C3 33- D7-E6B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAREDYAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNYLAWYQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVSRFSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKLKIKSGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGFNGSYISYWAYVQGTFLTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG FGGTVLTGSGSTGAVTSGNYPNWWQKPGQAPRGLIGGTEKELAPGTAPRFGSLLGGKAAITLSGV QPEDEAEYCYVLMYSNRWVFGGTKLTVL
181	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH CDR1	aa	NFDMA
182	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYADSVKG
183	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH CDR3	aa	HGYDGYHLEFDY
184	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL CDR1	aa	RASQGISNYIN
185	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL CDR2	aa	YTSNLQS
186	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL CDR3	aa	QQYDISSYT
187	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAREDYAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNYLAWYQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVSRFSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKLKIK
188	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	VL	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAREDYAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNYLAWYQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVSRFSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKLKIK
189	BCMA-19	BC C3 33- F8-E6	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAREDYAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNYLAWYQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVSRFSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKLKIK
190	BCMA-19 HL x CD3 HL	BC C3 33- F8-E6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRAREDYAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNYLAWYQKPGKAPKPLIYYTNSLQSGVSRFSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKLKIKSGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN

[1030]



191	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH CDR1	aa	NFKTETATVYCVRHGNGNSYISYWAYWQGTTLVTVSSGGGGGGGGGGGGGGTAVTVTQEPPLTWS PGGTVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKQKQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV QPEDEAEIYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
192	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYADSVKGR
193	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
194	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN
195	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL CDR2	aa	YTSNLQS
196	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL CDR3	aa	MGQTISST
197	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLTVSS
198	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSNLQSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSLPQEPDFAFYCMGQTISSTYFGQGTLEIK
199	BCMA-20	BC C3 33- F8-E6B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSNLQSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLPQEPDFAFYCMGQTISSTYFGQGTLEIK
200	BCMA-20 HL x CD3 HL	BC C3 33- F8-E6B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMNLSRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQKPKAPKPLIYYTSNLQSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLPQEPDFAFYCMGQTISSTYFGQGTLEIK LSCAASGFTENKYMAMWVRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWQGTFLTVSSGGGGGGGGGGGGGGTAVTVTQEPPLTWS PGGTVLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKQKQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV QPEDEAEIYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
201	BCMA-21	BC C3 33- F8-E6	VH CDR1	aa	NFDMA

202	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYADSVKG
203	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
204	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL CDR1	aa	RASQGISNYLIN
205	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL CDR2	aa	YTSNLQS
206	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL CDR3	aa	QQYDISSYT
207	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSS
208	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFRSGSGS GTDYTLTISISLQPEDFATYYCQQYDISSYTFQGGTKLEIK
209	BCMA-21	BC C3 33- F9-E6	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFRSGS GSGTDYTLTISISLQPEDFATYYCQQYDISSYTFQGGTKLEIK
210	BCMA-21 HL x CD3 HL	BC C3 33- F9-E6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFRSGS GSGTDYTLTISISLQPEDFATYYCQQYDISSYTFQGGTKLEIKSGGGGSEVQLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTGADHAIYADSVKGRFTISRDNANKNTLYLQMD SLRSEDYAVYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRVT ISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTNSNLQSGVPSRFRSGSGSGTDYTLTISISLQPEDFATYYC QQYDISSYTFQGGTKLEIKQPEDEAEYTCVLWYSNRWFGGGTKLTVL
211	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH CDR1	aa	NFDMA
212	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYAESVKG
213	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
214	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL CDR1	aa	RASQGISNYLIN

[1032]

215	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL CDR2	aa	YT9NLQS	
216	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL CDR3	aa	MGQTISST	
217	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYAESVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDIAVYICVRHGYIDGYHLFDYWGQGTLLVTVSS	
218	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGSGS CTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTLEIK	
219	BCMA-22	BC C3 33- F9-E6B1-E	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYAESVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDIAVYICVRHGYIDGYHLFDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTLEIK	
220	BCMA-22 HL x CD3 HL	BC C3 33- F9-E6B1-E HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYAESVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDIAVYICVRHGYIDGYHLFDYWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSIQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYAESVKGRFTISRDNAKNTLYLQMD NLKTEDTAIVYICVRHGFNHSYISYAWWGQGTLLVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG PGGTVTLTCGSSSTGAVTSGNIPENWVQQRGQAPRGLIGGKFLAPGTPARFSGSLGKKAALTLSGV QPEDEAEYICVLWYSNRWVFGGTKLTVL	
221	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH CDR1	aa	NFDMA	
222	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH CDR2	aa	SITTGADHAIYADSVKG	
223	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
224	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN	
225	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL CDR2	aa	YT9NLQS	
226	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL CDR3	aa	MGQTISST	
227	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWRQAPGKGLVWVSSITTGADHAIYADSVKGR	

[1033]

228	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	VL	aa	FTISRDNAKNTLYLQNMNSLRRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLVTSS
229	BCMA-23	BC C3 33- F10-E6B1	scFv	aa	DIQMTQSPFSSLSASVGDRVTITCRASQGISNLYNQKPKAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGGSG GTDFTLTISLQPEDFAFYCMGQTISSYTFQGQTKLEIK
230	BCMA-23 HL x CD3 HL	BC C3 33- F10-E6B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTGADHAIYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNMNSLRRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLVTSSGGSGGGSGGG GSDIQTQSPFSSLSASVGDRVTITCRASQGISNLYNQKPKAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGGSG GSGTDFLTITISLQPEDFAFYCMGQTISSYTFQGQTKLEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNEDMAVVRQAPAKGLEWVVRQAPAKGLEWVSSITTGADHAIYADSVKDRFTISRDDSNNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQTLVTSSGGGGGGGGGGGQTVVTVQEPSTLTVS PGTDTLTTCGSSGTGAVTSGNYFNWVQKFGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYLWYSNRWVFGGTKLTVL
231	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH CDR1	aa	DYYIN
232	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG
233	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH CDR3	aa	LYDYDNYFDV
234	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNSNGNTYLH
235	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL CDR2	aa	KVSNRF
236	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL CDR3	aa	AETSHVPWT
237	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKYSCRASGYSPDYVINWVRQAPGGGLEWNGWLYFASGNSEYNQKFTGR VTMRDTSSTAYMELSSLRSEDTAVIFCSLYDYDNYFDVWGQTNVTVSS
238	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	VL	aa	DIVMTQTPLSLSVTPGGQSPATISCKSSQSLVHNSNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVPEDRF SGSGSGTDFTLKINKRVEAEADVGVVYCAETSHVPWTFGQTKLEIK
239	BCMA-24	BC B6 64- H5-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKYSCRASGYSPDYVINWVRQAPGGGLEWNGWLYFASGNSEYNQKFTGR

[1034]



240	BCMA-24 HL x CD3 HL	BC B6 64- H5-H9 x CD3 HL	bispecific molecule	aa	<p>VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS</p> <p>DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF</p> <p>SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYCAETSHVETFGQGTKEIK</p> <p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR</p> <p>VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS</p> <p>DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF</p> <p>SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYCAETSHVETFGQGTKEIKSGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGG</p> <p>SLKLSCAASGFTENKYMNNVVRQAPGKGLWEVARIRSKNNYATYADSVKDRFTISRDSKNTAYL</p> <p>QNNILKTEHTAVYICVRHGHFGNYSYIYWAYWGQGTLYTVYSSGGGGSGGGSGGGSGQIVTVTPFSL</p> <p>TVSPGQSTPLTCTGSGTGAVTSGNYENWYQKPGQAPRGLISGTFKFLAPGTFAFSGSLLSGKAALT</p> <p>SGVQPEDEAEAYYCVLWYSNRWVFGGKLTIVL</p>
241	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH CDR1	aa	DYYIN
242	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH CDR2	aa	WIFYFASGNSEYNQKFTG
243	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
244	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNTYLH
245	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL CDR2	aa	KVSNRFS
246	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL CDR3	aa	LTTSHPWT
247	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VH	aa	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR</p> <p>VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS</p>
248	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	VL	aa	<p>DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF</p> <p>SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYCAETSHVETFGQGTKEIK</p>
249	BCMA-25	BC B6 64- H5-H9	scFv	aa	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR</p> <p>VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS</p> <p>DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHSGNTYLHWYLRPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF</p> <p>SGSGSGTDFTLKINRVEAEDGVYCAETSHVETFGQGTKEIK</p>
250	BCMA-25 HL x CD3 HL	BC B6 64- H5-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	<p>QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR</p> <p>VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGGS</p>



[1036]

						DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKYVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTFTLKINRVAEDVGVIYCLTTSHPWTFQGTGLEIKSGGGGSEVQLVESGGSLVQPGG SLKLSCAASGFTENKYMNNVYRQAPGKGLEWVARISKYNNIATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISWAYWGQGTLLVTSSGGGGSGGGGSGGQTVVTOEPFL TVSPGGTWTLCGSSTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGGTFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT SGVQFEDEAEIYCVLWISNRWVFGSGTKLTVL
251	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH CDR1	aa	DYYIN	
252	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNQKFTG	
253	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
254	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL CDR1	aa	KESQSLVHNGNTYLH	
255	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
256	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL CDR3	aa	AETSHVFWT	
257	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VH	aa	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKVSKAGSYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS	
258	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	VL	aa	DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKYVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTFTLKISRVAEDVGVIYCAETSHVWTFQGTGLEIK	
259	BCMA-26	BC B6 65- B5-A4	scFv	aa	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKVSKAGSYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGGGSGGGGSGGGS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKYVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTFTLKISRVAEDVGVIYCAETSHVWTFQGTGLEIK	
260	BCMA-26 HL x CD3 HL	BC B6 65- B5-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKVSKAGSYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGGGSGGGGSGGGS DI VMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQREGQSPQLLIYKYVSNRFSGVDPDRF SGSGSTDTFTLKISRVAEDVGVIYCAETSHVWTFQGTGLEIKSGGGGSEVQLVESGGSLVQPGG SLKLSCAASGFTENKYMNNVYRQAPGKGLEWVARISKYNNIATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISWAYWGQGTLLVTSSGGGGSGGGGSGGQTVVTOEPFL TVSPGGTWTLCGSSTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGGTFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT	

						SGVQPEDEAEYYCWLWYNNRWVFGGGLTLTVL
261	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH CDR1	aa		DYYIN
262	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH CDR2	aa		WIFYFASGNSEYNQKFTG
263	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH CDR3	aa		LYDYDWYFDV
264	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL CDR1	aa		KSSQSLVHNGNTYLH
265	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL CDR2	aa		KVSNRF
266	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL CDR3	aa		LTTSHPWT
267	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VH	aa		QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTS
268	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	VL	aa		DIIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHLYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTGQGTKEIK
269	BCMA-27	BC B6 65- B5-H9	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTS DIIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHLYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTGQGTKEIK
270	BCMA-27 HL x CD3 HL	BC B6 65- B5-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTS DIIVMTQTPLSLSVTPGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHLYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGYVCLTTSHPWTGQGTKEIK SLKLSCAASGFTTNKYNAMNVRQAPGKGLSEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYICVRHGNFGNYSYISYAWYWGQGTMTVTS TVSPGGTMTLTGSGSTGCAVTSGNYENWVQKQAPRGLIGSTKFLAEGTTPARFSGSLIGGKKAALTL SGVQPEDEAEYYCWLWYNNRWVFGGGLTLTVL
271	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH CDR1	aa		DYYIN
272	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH CDR2	aa		WIFYFASGNSEYNQKFTG

[1038]

273	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWMYFDV	VMTMDTSSTAYMELSSLRSED
274	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNGNTYLH	DIWMTQTPLSLSVSPGCPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPOLLIIYKVSNRFSVGPDRF
275	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS	SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCAETSHVPTFGQGTKLRIK
276	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL CDR3	aa	AETSHVPT	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYVINWVRQAPGGGLEWMGMITYFASGNSEYINQKFTGR
277	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VH	aa		VMTMDTSSTAYMELSSLRSED
278	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	VL	aa		DIWMTQTPLSLSVSPGCPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPOLLIIYKVSNRFSVGPDRF
279	BCMA-28	BC B6 65- H7-A4	scFv	aa		SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCAETSHVPTFGQGTKLRIK
280	BCMA-28 HL x CD3 HL	BC B6 65- H7-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYVINWVRQAPGGGLEWMGMITYFASGNSEYINQKFTGR
281	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH CDR1	aa	DYYIN	VMTMDTSSTAYMELSSLRSED
282	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYINQKFTG	DIWMTQTPLSLSVSPGCPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLOKPGQSPOLLIIYKVSNRFSVGPDRF
283	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH CDR3	aa	LYDYDWMYFDV	SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCAETSHVPTFGQGTKLRIK
284	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL CDR1	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYVINWVRQAPGGGLEWMGMITYFASGNSEYINQKFTGR
285	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL CDR2	aa		VMTMDTSSTAYMELSSLRSED

286	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL CDR3	aa	LITTSHPVWT	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSPFDYVINWVRQAPQGLEWNGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDWVGQGTMTVSS
287	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VH	aa		DIWMTQTPLSLVSFGOPASISCKSSQSLVHNSGNTYLVHWYLRKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLITTSHPVWTFQGTGLEIK
288	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	VL	aa		QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSPFDYVINWVRQAPQGLEWNGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDWVGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGGS DIWMTQTPLSLVSFGOPASISCKSSQSLVHNSGNTYLVHWYLRKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLITTSHPVWTFQGTGLEIK
289	BCMA-29	BC B6 65- H7-H9	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSPFDYVINWVRQAPQGLEWNGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDWVGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGGS DIWMTQTPLSLVSFGOPASISCKSSQSLVHNSGNTYLVHWYLRKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLITTSHPVWTFQGTGLEIK
290	BCMA-29 HL x CD3 HL	BC B6 65- H7-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSPFDYVINWVRQAPQGLEWNGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDWVGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGGS DIWMTQTPLSLVSFGOPASISCKSSQSLVHNSGNTYLVHWYLRKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDGVIYCLITTSHPVWTFQGTGLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLWEVARIIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYCVRHGNTFNSYISYWAYWGQGLTVTSVSSGGGSGGGGSGGGGSGTIVTQEPFL TVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLISGTRFLAPGTPARFSGSLLGKKAALT SGVQPEDEAEYCYVLWYNSNRWVFGGTGLTVL
291	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH CDR1	aa	DYYIN	
292	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG	
293	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
294	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNSGNTYLH	
295	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VL CDR2	aa	KYSNRFS	
296	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VL CDR3	aa	AETSHVPWT	
297	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSPFDYVINWVRQAPQGLEWNGWIIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDWVGQGTMTVSS
298	BCMA-30	BC B6 65-	VL	aa		DIWMTQTPLSLVSFGOPASISCKSSQSLVHNSGNTYLVHWYLRKPGQSPQLLIYKYNSNRFSGVPDRF

[1039]



		H8-A4				SGSGSGADFTLKISRVEAEDGVIYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
299	BCMA-30	BC B6 65- H8-A4	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGGGGGGGGG DIVMTQTPISLVTGPFPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPOLLIIYKYSNRFSGVPDFR SGSGSGADFTLKISRVEAEDGVIYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
300	BCMA-30 HL x CD3 HL	BC B6 65- H8-A4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGGGGGGGGG DIVMTQTPISLVTGPFPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPOLLIIYKYSNRFSGVPDFR SGSGSGADFTLKISRVEAEDGVIYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
301	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH CDR1	aa		DYYIN
302	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH CDR2	aa		WIYFASGNSEYNQKFTG
303	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH CDR3	aa		LYDYDWYFDV
304	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL CDR1	aa		KSSQSLVHNSGNTYLH
305	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL CDR2	aa		KVSNRES
306	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL CDR3	aa		LITSHVFWT
307	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS
308	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	VL	aa		DIVMTQTPISLVTGPFPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPOLLIIYKYSNRFSGVPDFR SGSGSGADFTLKISRVEAEDGVIYCAETSHVFWTFCQGTKEIK
309	BCMA-31	BC B6 65- H8-H9	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGGGGGGGGGGG DIVMTQTPISLVTGPFPASISCKSSQSLVHNSGNTYLHWYLQKPGQSPOLLIIYKYSNRFSGVPDFR SGSGSGADFTLKISRVEAEDGVIYCAETSHVFWTFCQGTKEIK

[1040]



310	BCMA-31 HL x CD3 HL	BC B6 65- H8-H9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPDYYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSSSTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGTMTVTSVSSGGSGGGSGGGG DLVMTQTPPLSLSVTPGEPASISCKSSQSLVHSGNGTYLHWYLRKPGQPQLLIYKVSNNRFSGVDPRE SGSGSGADFTLKISRVEAEDVGYVYCLTTSHPWTFGQTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTTISRDDSKNTAYL QMNIKTEDTAVYICVRHGFNGSYISYAWGQGTIVTVSSGGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGG TVSPGSTVLTTCSSSTGAVTSGNYENWVQKQKQAPRGLIGGTFKELAPCTPARFSGSLLOGKALTL SGVQPEDEAEYCYLVWSNRWVFGGTCLTVL
311	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH CDR1	aa	NHIIH
312	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH CDR2	aa	YINPYGYYHAYNEKFGQ
313	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTDLVDY
314	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYIN
315	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
316	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL CDR3	aa	QQGNTLFWT
317	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNTHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYYHAYNEKFGGR ATMTSDTSTSTVYMELSSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTIVTVSS
318	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASLGRVTITCAQSQDISINLYNQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQQEDIATYYCQGGNTLPWTFCGGTKVEIK
319	BCMA-32	BC A7 27- A6-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNTHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYYHAYNEKFGGR ATMTSDTSTSTVYMELSSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTIVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGRVTITCAQSQDISINLYNQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSDIQMTQSPSSLSASLGRVTITCAQSQDISINLYNQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSGTDFTFITISLQQEDIATYYCQGGNTLPWTFCGGTKVEIK
320	BCMA-32 HL x CD3 HL	BC A7 27- A6-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFNTHIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYYHAYNEKFGGR ATMTSDTSTSTVYMELSSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTIVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGRVTITCAQSQDISINLYNQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSGTDFTFITISLQQEDIATYYCQGGNTLPWTFCGGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTTISRDDSKNTAYLQMN

[1042]

321	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VH CDR1	aa	NHIIH YINPYDGGWDYNEKFGQ DGIYRDADVLDY QASQDISNYLIN YTSRLHT QQGNLTPWT QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSS
322	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VH CDR2	aa	DIQMTQSPFSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGGS GTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
323	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VH CDR3	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
324	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VL CDR1	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
325	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VL CDR2	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
326	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VL CDR3	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
327	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VH	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
328	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		VL	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
329	BCMA-33	BC A7 27- A6-H11		scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
330	BCMA-33 HL x CD3 HL	BC A7 27- A6-H11 HL x CD3 HL		bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
331	BCMA-34	BC A7 27- A6-H11		VH CDR1	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKYCKASGYTFTHNIIHWVRAQPGQGLEWMGYINPYDGGWDYNEKFGQ ATMTSDTSTVYIMELSSLSRSEDVAVYCARDGYRDADVDYDVGQGTLTIVSSGGSGSGSGSGGG GSDIOMTQSPSSLASLGDRVTITCOASQDISNYLNWYQKRPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSPRFGSGS GSGTDFFTISSLQEDDIATYVCOQGNLTPWTFGQGTKEIK

332	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VH CDR2	aa	YINPYGYPHAYNEKFGQ
333	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTVDLDY
334	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
335	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
336	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
337	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYPHAYNEKFGQR ATMTSETSTVYMEISLSSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG
338	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS GTDFTFTISILEPEPIATYYCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
339	BCMA-34	BC A7 27- C4-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYPHAYNEKFGQR ATMTSETSTVYMEISLSSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSGDTFTFTISILEPEPIATYYCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
340	BCMA-34 HL x CD3 HL	BC A7 27- C4-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYGYPHAYNEKFGQR ATMTSETSTVYMEISLSSLRSEDYAVYCARDGYRDTVDLDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS GSGDTFTFTISILEPEPIATYYCOQGNLTPWTFGQGTKEIKSGGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGQGLEWVARISRKNTNTATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTATYYCYRHNFGNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGGTAVTQEPSELTVS PGGVTLTCGSSSTGAVTSGNYENWVQKPKGQAPRGLIGGKELAPGTFAREFGSLLGGKAAITLSGV QPDEAEYCYVLWYSNRWVFGGKLTIVL
341	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH CDR1	aa	NHIIH
342	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH CDR2	aa	YINPYDGWGYNEKFGQ
343	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH CDR3	aa	DGYRDAVDLDY
344	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN

[1043]

345	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL CDR2	aa	YTSRLHT
346	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL CDR3	aa	QOGNTLPWT
347	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGWGDYNEKFPQGR ATMTSDTSTSTVIMELSLRSEDITAVYCARDGYRDADVLIDYWGQGTLLTVSS
348	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPFRFSGSGS GTDFFTISILEPEDIATYYCQOGNTLPWTFGGTKVEIK
349	BCMA-35	BC A7 27- C4-H11	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGWGDYNEKFPQGR ATMTSDTSTSTVIMELSLRSEDITAVYCARDGYRDADVLIDYWGQGTLLTVSSGGSGSGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPFRFSGSGS GGTDFFTISILEPEDIATYYCQOGNTLPWTFGGTKVEIK
350	BCMA-35 HL x CD3 HL	BC A7 27- C4-H11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYDGWGDYNEKFPQGR ATMTSDTSTSTVIMELSLRSEDITAVYCARDGYRDADVLIDYWGQGTLLTVSSGGSGSGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYTSRLHTGVPFRFSGSGS GGTDFFTISILEPEDIATYYCQOGNTLPWTFGGTKVEIK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLNVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDSKNTAVLQMN NLKTEDTATYYCYRHGNEGNSYISYAWYWGQGTLLTVSSGGSGSGSGGGGTIVTQEP8LTVS FGGTITLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQQKPKAPGLIGGTFKFLAPGTFARFSGSLIGGKAALTLISGV QFEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGTRITVL
351	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH CDR1	aa	NHIIH
352	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH CDR2	aa	YINPYPGYHAYNQKRFQ
353	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTDDLDY
354	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
355	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
356	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL CDR3	aa	QOGNTLPWT
357	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQAPGQGLEWMGYINPYPGYHAYNQKRFQGR

[1044]



358	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	VL	aa	VTMRDKSTSTVYMESSLTSEDVTAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSS DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAFKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GTDYSFTISLSLPEDIAITYCQGGNTLPWTFGGTKVEIK
359	BCMA-36	BC A7 15- H2-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYPCYHAYNQKFKQGR VTMRDKSTSTVYMESSLTSEDVTAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAFKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GGTDYSFTISLSLPEDIAITYCQGGNTLPWTFGGTKVEIK
360	BCMA-36 HL x CD3 HL	BC A7 15- H2-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYPCYHAYNQKFKQGR VTMRDKSTSTVYMESSLTSEDVTAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSSGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAFKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GGTDYSFTISLSLPEDIAITYCQGGNTLPWTFGGTKVEIK
361	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH CDR1	aa	NHIIH
362	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH CDR2	aa	YINPYDGGWGDYNQKFGQ
363	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH CDR3	aa	DGYRDAVDLDY
364	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
365	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL CDR2	aa	YTSRLHT
366	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
367	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VH	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDQWGDYNQKFKQGR VTMRDKSTSTVYMESSLTSEDVTAVYICARDGYRDTVDLDYWGQGLTVTVSS
368	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCQASQDISNYLNWYQKPGRAFKLLIYTSRLHTGVPSPRFSGSGS GTDYSFTISLSLPEDIAITYCQGGNTLPWTFGGTKVEIK
369	BCMA-37	BC A7 15- H2-H11	scFv	aa	QVQLVQSGAKVIRPGASVKVSKASGYTFTHNLIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDQWGDYNQKFKQGR

[1045]



[1046]

370	BCMA-37 HL x CD3 HL	BC A7 15- H2-H11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	VTMTDKSTSTVYMEISSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYTSRLHTGVPSPFSGS GSGTDYSETISSIQQEDIAIYVYCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
371	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH CDR1	aa	QVQLVQSGAEVIKPGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWMGYINPYDCWGDYNQKQGR VTMTDKSTSTVYMEISSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYTSRLHTGVPSPFSGS GSGTDYSETISSIQQEDIAIYVYCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
372	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH CDR2	aa	YINPYFGYHAYNQRKQGG
373	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH CDR3	aa	DGYRDTDVLDY
374	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN
375	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL CDR2	aa	YTSRLHT
376	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL CDR3	aa	QQGNLTPWT
377	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VH	aa	QVQLVQSGAEVIKPGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYFGYHAYNQRKQGR VTMTDKSTSTVYMEISSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTIVSS
378	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYTSRLHTGVPSPFSGS GTDFTFTTSSLQEDIAIYVYCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
379	BCMA-38	BC A7 15- H8-G7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVIKPGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYFGYHAYNQRKQGR VTMTDKSTSTVYMEISSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQASQDISNYLNWYQKPGKAPKLLIYTSRLHTGVPSPFSGS GSGTDFTFTTSSLQEDIAIYVYCOQGNLTPWTFGQGTKEIK
380	BCMA-38 HL x CD3 HL	BC A7 15- H8-G7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVIKPGASVKVSKASGYTFTHNIIHWVRQKPGQGLEWIGYINPYFGYHAYNQRKQGR VTMTDKSTSTVYMEISSLTSEDYAVYCARDGYRDADVDYWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGG

[1047]

381	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH CDR1	aa	NHIIH	GSDIQMTQSPFSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQKPKGAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGS
382	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH CDR2	aa	YINPYDGGDYNQKFOG	GSGDTFTFTISLQQEDIAITYYCOQGNLTLPWTFGQGTKEVEIKSGGGSEYQLVSGGGIIVQPGGSLK
383	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH CDR3	aa	DGYIRDADWLDY	LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLHWVARIRSKVNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQNN
384	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL CDR1	aa	QASQDISNYLN	NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLTVTSSGGSGGGSGGGGSIQVTVTQEPFLTVS
385	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL CDR2	aa	YTSRLHT	PGGTVTLTCGSSGTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPANFSGSLGGLGKAALTLSGV
386	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	QPEDAEYYCVLWYSNRNVEGGGTKLTVL
387	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VH	aa	QVQLVQSGAEVTKPGASVKYCKRSGYTFTHNLIHWVRQKPGGLEWIGVINPYDGSWGVDYNQKFOGK	VTMTREDTSTSTVMEISLSLTSEDITAVYYCARDGYRDADVDLWVGQGTFLTVSS
388	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	VL	aa	DIQMTQSPFSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQKPKGAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGSGS	GTDFTFTISLQQEDIAITYYCOQGNLTLPWTFGQGTKEIK
389	BCMA-39	BC A7 15- H8-H11	scFv	aa		QVQLVQSGAEVTKPGASVKYCKRSGYTFTHNLIHWVRQKPGGLEWIGVINPYDGSWGVDYNQKFOGK
390	BCMA-39 HL x CD3 HL	BC A7 15- H8-H11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		VTMTREDTSTSTVMEISLSLTSEDITAVYYCARDGYRDADVDLWVGQGTFLTVSSGGSGGGSGGGSGG
						GSDIQMTQSPFSSLSASLGDRVITTCQASQDISNYLNWYQKPKGAPKLLIYYTSRLHTGVPSRFSGS
						GSGDTFTFTISLQQEDIAITYYCOQGNLTLPWTFGQGTKEVEIKSGGGSEYQLVSGGGIIVQPGGSLK
						LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLHWVARIRSKVNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQNN
						NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLTVTSSGGSGGGSGGGGSIQVTVTQEPFLTVS
						PGGTVTLTCGSSGTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPANFSGSLGGLGKAALTLSGV

						QPEDEAEYCYVLMWYSNRWVFGGTKLTVL
391	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH CDR1	aa		DYYIN
392	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH CDR2	aa		WLYFASGNSEYNQKFTG
393	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH CDR3	aa		LYDYDWYFDW
394	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL CDR1	aa		KSQSGLVHNGNTYLH
395	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL CDR2	aa		KVSNRFS
396	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL CDR3	aa		SQSSTAPWT
397	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VH	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS
398	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	VL	aa		DIIVMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSSTAPWTFTGGTKLEIK
399	BCMA-40	BC 7A4 96- D4-A12	scFv	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGSGGGGS DIIVMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF DIIVMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSSTAPWTFTGGTKLEIK
400	BCMA-40 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- D4-A12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGSGGGGS DIIVMTQTPLSLPTLGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSSTAPWTFTGGTKLEIKSGGGSGGVQLVESGGSLVQPGG SLKLSCAASGFTENKYAMNWVRQAPGKGLWVARIKSYNNIATYYADSVKDRFTLIRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYICVRHNGFNISYISWAYWGQGTLVTVSSGGSGGGSGGGSGGGSGGVTVVTEPFL TVSPGGTIVLTTCGSSTCAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGTAKELAPGTAPRFSLSLLGGKAALTL SGVQPEDEAEYCYVLMWYSNRWVFGGTKLTVL
401	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VH CDR1	aa		DYYIN
402	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VH CDR2	aa		WLYFASGNSEYNQKFTG

403	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
404	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH
405	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
406	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VL CDR3	aa	SQSSIYPWT
407	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDWDYFDVWGQGTMTVYSSGGSGGGSGGGSGGGSG
408	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	VL	aa	DIWMTQTPLSPLPTLTGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGYVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSSSYFWTEGGTKLEIK
409	BCMA-41	BC 7A4 96- D4-D7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDWDYFDVWGQGTMTVYSSGGSGGGSGGGSGGGSG DIWMTQTPLSPLPTLTGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGYVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSSSYFWTEGGTKLEIK
410	BCMA-41 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- D4-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKPGASVKVSCKASGYSFPDYINWVRQAPGQGLEWMGWYIFASGNSEYNQKFTGR VTMTSDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDWDYFDVWGQGTMTVYSSGGSGGGSGGGSGGGSG DIWMTQTPLSPLPTLTGQPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKVSNRFSGYVDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVCSQSSSYFWTEGGTKLEIK SLKLSAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLHWYIRSKYNNYATYADSVKDRFTISRDSKNTAYL QMNIKTEDTAVYICVRHNGFNYSYISWAYWGQGTLLVTVSSGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSG TVSPGGTVTLTGSSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGGLIGGKFLAPGTARPSSILLGGKAAITL SGVQPEDEAEIYCVLWYISNRWVFGGGLTIVL
411	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VH CDR1	aa	DYYIN
412	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG
413	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
414	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH
415	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS



416	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT	
417	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKPGASVKVSKKASGYSPFDYINWVRQAPQGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSTISLAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWFYDVGQGTMTVSS	
418	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	VL	aa	DIWMTQTPISLPTLGOPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYPEFTFGQGTKEIK	
419	BCMA-42	BC 7A4 96- D4-E7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPKPGASVKVSKKASGYSPFDYINWVRQAPQGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSTISLAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWFYDVGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGGS DIWMTQTPISLPTLGOPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYPEFTFGQGTKEIK	
420	BCMA-42 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- D4-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPKPGASVKVSKKASGYSPFDYINWVRQAPQGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSTISLAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWFYDVGQGTMTVSSGGGSGGGSGGGGGS DIWMTQTPISLPTLGOPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYPEFTFGQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLIEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYL QMNNLKIEDTAYYICVRHGFNSYISYWAYWQGTLLVTSSGGGSGGGSGGGGSGTQVVTQEPFL TVSPGGTVTLTCSGTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGTRFLAPGTPARFSGSLGGKAALTLL SGVQPEDEARFYCVLWYSNRWVFGGGLTVL	
421	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH CDR1	aa	DYYIN	
422	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNQKFTG	
423	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
424	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSNGNTYLH	
425	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VL CDR2	aa	KYSNRF	
426	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VL CDR3	aa	SQSSTAPWT	
427	BCMA-43	BC 7A4 96- F4-A12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKPGASVKVSKKASGYSPFDYINWVRQAPQGQGLEWMGWIYFASGNSEYNQKFTGR VTMTRTSTISLAYMELSLRSEDYAVYFCASLYDYDWFYDVGQGTMTVSS	
428	BCMA-43	BC 7A4 96-	VL	aa	DIWMTQTPISLPTLGOPASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWYLOKPGQSPQLLIYKYVSNRFSGVPDFR	

[1050]



[1051]

		F4-A12		scFv	aa	SGSGGTDFTLKISRVEAEDGIVYCSQSSTAPWTFQGGTKLEIK
429	BCMA-43	BC 7A4 96-F4-A12			aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGRVTMRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLVTPGQOPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVPDFRSGSGGTDFTLKISRVEAEDGIVYCSQSSTAPWTFQGGTKLEIK
430	BCMA-43 HL x CD3 HL	BC 7A4 96-F4-A12 HL x CD3 HL		bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGRVTMRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLVTPGQOPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVPDFRSGSGGTDFTLKISRVEAEDGIVYCSQSSTAPWTFQGGTKLEIK
431	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VH CDR1	aa	DYIIN
432	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNQKFTG
433	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
434	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VL CDR1	aa	KSSQSLVHNGNTYLH
435	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VL CDR2	aa	KVSNRFS
436	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VL CDR3	aa	SQSSIYPWT
437	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGRVTMRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS
438	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		VL	aa	DIVMTQTPLSLVTPGQOPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVPDFRSGSGGTDFTLKISRVEAEDGIVYCSQSSTAPWTFQGGTKLEIK
439	BCMA-44	BC 7A4 96-F4-D7		scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNQKFTGRVTMRDTSISTAYMELSSLRSEDYAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLVTPGQOPASISCKSSQSLVHNGNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKYSNRFSGVPDFRSGSGGTDFTLKISRVEAEDGIVYCSQSSTAPWTFQGGTKLEIK

440	BCMA-44 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- F4-E7 HL x CD3 HL	specific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKRSGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWMGMIYFASGSEYNQKFTGR VTMTRDTSTIAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGG DIVMTQTPLSLSVTPGPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVYCSQSTYPEPTFGQTKLRIRKSGGGSEVOLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNVRQAPFGKLEWVARIRSKYNNIYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNIKTEDTAVYCYVRHGNFGSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGGTATVTVQEPFL TVSPGQTVTLTGSGTCAVTSNGYINWVQKPGQAPRGLIGITKELAPGTPTARFSGSLIGKRAALT SGVQPEDDAEYCYVLWYINRNVFPGGKTLTVL
441	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH CDR1	aa	DYIYN
442	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH CDR2	aa	WIYFASGSEYNQKFTG
443	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
444	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL CDR1	aa	KESQSLVHSGNGNTYLH
445	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
446	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT
447	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKRSGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWMGMIYFASGSEYNQKFTGR VTMTRDTSTIAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTMTVTVSS
448	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	VL	aa	DIVMTQTPLSLSVTPGPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVYCSQSTYPEPTFGQTKLRIRK
449	BCMA-45	BC 7A4 96- F4-E7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKRSGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWMGMIYFASGSEYNQKFTGR VTMTRDTSTIAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGG DIVMTQTPLSLSVTPGPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVYCSQSTYPEPTFGQTKLRIRK
450	BCMA-45 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- F4-E7 HL x CD3 HL	specific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKRSGYSPFDYINWVRQAPGGGLEWMGMIYFASGSEYNQKFTGR VTMTRDTSTIAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWQGTMTVTVSSGGGGSGGGSGGGG DIVMTQTPLSLSVTPGPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLHWYLRKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVPDFR SGSGGTDFTLKISRVEAEDVGYVYCSQSTYPEPTFGQTKLRIRKSGGGSEVOLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNVRQAPFGKLEWVARIRSKYNNIYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNIKTEDTAVYCYVRHGNFGSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGGTATVTVQEPFL TVSPGQTVTLTGSGTCAVTSNGYINWVQKPGQAPRGLIGITKELAPGTPTARFSGSLIGKRAALT SGVQPEDDAEYCYVLWYINRNVFPGGKTLTVL

451	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH CDR1	aa	DYYTN QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
452	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNEKFTG QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
453	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
454	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNGNTYLLH QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
455	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL CDR2	aa	KVSNRF'S QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
456	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL CDR3	aa	SQSSTAPWT QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
457	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VH	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKYCKRSGSYSPDPYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRETSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGLTWTVSS QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
458	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	VL	aa	DIWMTQTPLSIVSLQSPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLLHWYLOKPGQSPOLLIIYKVSNRFSVGPDRP SGSGSTGDTFLTKISRVEAEDVGVVYCSQSSTAPWTFGQGTKLEIK QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
459	BCMA-46	BC 7A4 96- G2-A12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKYCKRSGSYSPDPYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRETSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGLTWTVSSGGGGGGGGGGGGGSGGGS DIWMTQTPLSIVSLQSPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLLHWYLOKPGQSPOLLIIYKVSNRFSVGPDRP SGSGSTGDTFLTKISRVEAEDVGVVYCSQSSTAPWTFGQGTKLEIK QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
460	BCMA-46 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- G2-A12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVRKPGASVKYCKRSGSYSPDPYIYNWVRQAPGQGLEWMGMIFYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRETSSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYEDVWGQGLTWTVSSGGGGGGGGGGGGGSGGGS DIWMTQTPLSIVSLQSPASISCKSSQSLVHSGNGNTYLLHWYLOKPGQSPOLLIIYKVSNRFSVGPDRP SGSGSTGDTFLTKISRVEAEDVGVVYCSQSSTAPWTFGQGTKLEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGG SLIKSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYVADSVKDRFTIIRDDGKNTAYL QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
461	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH CDR1	aa	DYYTN QNNLKTEDTAVYYCVRHGNGFNYSI SYWAIWGQGTLTIVSSGGGGGGGGGGGGGSGTIVTVTQEPFL TVSPGGTWTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQQRPQAPRLIGSTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAALT SGVQPEDERAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL

462	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNEKFTG
463	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
464	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNNTYLH
465	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
466	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL CDR3	aa	SQSSIYPWT
467	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNEKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSS
468	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	VL	aa	DIAMTQTPLSLSVSLGQPASISCKSSQSLVHSGNNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSSIVPWTFGQGTKLEIK
469	BCMA-47	BC 7A4 96- G2-D7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNEKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGGGGG DIAMTQTPLSLSVSLGQPASISCKSSQSLVHSGNNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSSIVPWTFGQGTKLEIK
470	BCMA-47 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- G2-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSPFDDYINWVRQAPGQGLEWMGWIFYFASGNSEYNEKFTGR VTMTDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVTVSSGGSGGGGGGG DIAMTQTPLSLSVSLGQPASISCKSSQSLVHSGNNTYLHWYLQKPGQSPQLLIYKVSNNRFSGVDPDRF SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSSIVPWTFGQGTKLEIK SLKLSCAASGFTENKAMNVRQAPGKLEWVARIRSKYNNIATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSVTSYWAYWGQGTFLVTVSSGGSGGGGGGGSGTQVTVTQEPSTL TVSPGGTVLTGCGSTGCAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTAKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTTL SGVQPEDEAEYICVLWYSNNRWVFGGTLTLVL
471	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH CDR1	aa	DYYIN
472	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNEKFTG
473	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
474	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSGNNTYLH



475	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
476	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT	
477	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSFPDYVINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSS	
478	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	VL	aa	DIWMTQTPLSLSVSLGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLVHWLQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVDPRE SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYPEFTFCQGTKEIK	
479	BCMA-48	BC 7A4 96- G2-E7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSFPDYVINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGSGSGSGSGSGS DIWMTQTPLSLSVSLGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLVHWLQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVDPRE SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYPEFTFCQGTKEIK	
480	BCMA-48 HL x CD3 HL	BC 7A4 96- G2-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSFPDYVINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNEKFTGR VTMTRTSSSTAYMELSLRSEDITAVYFCASLYDYDWYFDVWGQGTMTVSSGGSGSGSGSGSGSGS DIWMTQTPLSLSVSLGQPASISCKSSQSLVHSNGNTYLVHWLQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVDPRE SGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYCSQSTYPEFTFCQGTKEIKSKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASEGFTENKYNAMNWRQAFKGLWVARIKSKYNNYATYYADSVKORFTISRDSKNTAYL QMNNLKTEDTAVYCVRHNGNFGNSVLSYWAYWQGTLLVTSYSSGGSGSGSGSGSGSQTYVTQPESL TVSPGGTVTLTCSGSTGAVTSGNYFNWVQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTTL SGVQPEDEAEFYCYLWYSNRWVFGGTCLTVL	
481	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VH CDR1	aa	DIYIN	
482	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VH CDR2	aa	WIFYFASGNSDYNNQKFTG	
483	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
484	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSNGNTYLH	
485	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
486	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VL CDR3	aa	SQSSTAPWT	
487	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPKGASVKSCASGYSFPDYVINWVRQAPGQGLEWMGWIIYFASGNSEYNNQKFTGR	

[1055]



488	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	VL	aa	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSED	AVYFCASLYDYDWYFDVWVGQGTWTVTSS
489	BCMA-49	BC 7A4 97- A3-A12	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKKASGYSPFDY <sup>Y</sup> INWVRQAPGGGLEWNGWIYFASGNSEYNKQKFTGR	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSED
490	BCMA-49 HL x CD3 HL	BC 7A4 97- A3-A12 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKKASGYSPFDY <sup>Y</sup> INWVRQAPGGGLEWNGWIYFASGNSEYNKQKFTGR	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSED
491	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH CDR1	aa	DYIN	
492	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH CDR2	aa	WIYFASGNSEYNKQKFTG	
493	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV	
494	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL CDR1	aa	KSQSLSLVHSGNGNTYLH	
495	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL CDR2	aa	KVSNRFS	
496	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL CDR3	aa	SQSIIYPTW	
497	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKKASGYSPFDY <sup>Y</sup> INWVRQAPGGGLEWNGWIYFASGNSEYNKQKFTGR	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSED
498	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	VL	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKKASGYSPFDY <sup>Y</sup> INWVRQAPGGGLEWNGWIYFASGNSEYNKQKFTGR	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSED
499	BCMA-50	BC 7A4 97- A3-D7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKPKGASVKVSKKASGYSPFDY <sup>Y</sup> INWVRQAPGGGLEWNGWIYFASGNSEYNKQKFTGR	VTWTRDTSINTAYMELSSLTSED

[1057]

500	BCMA-50 HL x CD3 HL	BC 7A4 97-A3-D7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	VTMTRDTSINTAYMELSSLSFSEDTAIVYFCASLYDYDWMYFDVWQGGTMTVTVSSGGGGSGGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLSVTPGPQASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWY LQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVPDFRSGSGSDTFTLKISRVEAEDVGIYCSQSSYIPWTFGQGTKLEIK
501	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VH CDR1	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWYIFASGNSEYNQKFTGRVTMTRDTSINTAYMELSSLSFSEDTAIVYFCASLYDYDWMYFDVWQGGTMTVTVSSGGGGSGGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLSVTPGPQASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWY LQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVPDFRSGSGSDTFTLKISRVEAEDVGIYCSQSSYIPWTFGQGTKLEIK
502	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VH CDR2	aa	WLYFASGNSEYNQKFTG
503	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VH CDR3	aa	LYDYDWMYFDV
504	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VL CDR1	aa	KSSQSLVHSNGNTYLH
505	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VL CDR2	aa	KVSNRFS
506	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VL CDR3	aa	SQSTYPEFT
507	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VH	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWYIFASGNSEYNQKFTGRVTMTRDTSINTAYMELSSLSFSEDTAIVYFCASLYDYDWMYFDVWQGGTMTVTVSS
508	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	VL	aa	DI VMTQTPLSLSVTPGPQASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWY LQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVPDFRSGSGSDTFTLKISRVEAEDVGIYCSQSSYIPWTFGQGTKLEIK
509	BCMA-51	BC 7A4 97-A3-E7	scFv	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWYIFASGNSEYNQKFTGRVTMTRDTSINTAYMELSSLSFSEDTAIVYFCASLYDYDWMYFDVWQGGTMTVTVSSGGGGSGGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLSVTPGPQASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWY LQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVPDFRSGSGSDTFTLKISRVEAEDVGIYCSQSSYIPWTFGQGTKLEIK
510	BCMA-51 HL x CD3 HL	BC 7A4 97-A3-E7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSPFDYIYNWVRQAPGGGLEWMGMWYIFASGNSEYNQKFTGRVTMTRDTSINTAYMELSSLSFSEDTAIVYFCASLYDYDWMYFDVWQGGTMTVTVSSGGGGSGGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLSVTPGPQASISCKSSQSLVHSNGNTYLHWY LQKPGQSPQQLLIYKVSNRFSGVPDFRSGSGSDTFTLKISRVEAEDVGIYCSQSSYIPWTFGQGTKLEIK

[1058]

511	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH CDR1	aa	NAWMD	DIWMTQTELSLSTVTPGQPASISCKSSQSLVHNSGNTYILHWYLQKPGQSPQLLIYKVSINRFSGVEDRF SGSGSTDTFTLKISRVEAEDGVIYCSQSTYPEFTFGQGTKLRIKSGGSGSEVQLVSGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVROAPKGLEWVARIRSKYNNIATYIADSVKDRFTIISRDSSKNTAVL QMNIKTEDTAVYICVRHGFNGNSYISYWAYWGQGTTLVTVSSGGSGGGSGGGSGSTVTVTQEPSEL TVSPGQTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWYQKQPGAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLILGGKAAULTI SGVQPEDERAEEYICVLWYSINRWVFCGGTKLTVL
512	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH CDR2	aa	QITAKSNNTATYIAEPVKG	
513	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH CDR3	aa	DGYH	
514	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA	
515	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL CDR2	aa	NANSLSHT	
516	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL CDR3	aa	EDTSKYPT	
517	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VH	aa	EVQLVESGGGLVKPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVROAPGKRLEWVAQITAKSNNTATYIAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTTLTVSS	
518	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGETVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLSHTGVPRESGSGS GTEFTLKISLQPEDENATYYCETSKYPTFGGTGLEIK	
519	BCMA-52	BC E11 19- F11-F8	scFv	aa	EVQLVESGGGLVKPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVROAPGKRLEWVAQITAKSNNTATYIAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTTLTVSSGGSGGGSGGGSGSAIQM TQSPSSLSASVGETVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLSHTGVPRESGSGSGTEF TLKISLQPEDENATYYCETSKYPTFGGTGLEIK	
520	BCMA-52 HL x CD3 HL	BC E11 19- F11-F8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVKPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVROAPGKRLEWVAQITAKSNNTATYIAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGHWQGTTLTVSSGGSGGGSGGGSGSAIQM TQSPSSLSASVGETVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLSHTGVPRESGSGSGTEF TLKISLQPEDENATYYCETSKYPTFGGTGLEIKSGGSGSEVQLVSGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVROAPGKLEWVARIRSKYNNIATYIADSVKDRFTIISRDSSKNTAVIQLMNIKTED TAVYICVRHGFNGNSYISYWAYWGQGTTLTVSSGGSGGGSGGGSGSTVTVTQEPSELTVSPGQTVTL TGSGSTGAVTSGNYPNWYQKQPGAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLILGGKAAULTI	

521	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH CDR1	aa	EYCVLWYSNRWVFGGKTTLTVL
522	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH CDR2	aa	NAWMD
523	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH CDR3	aa	QITAKSNNYATYYAAPVKG
524	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL CDR1	aa	DGYH
525	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL CDR2	aa	RASEDIRNGLA
526	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL CDR3	aa	NANSLHS
527	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VH	aa	EDTSKYPYT
528	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	VL	aa	EVQLVESGGGLVKPGEISLRISCAASGFTSFESNAWMDVVRQAPGKRLEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWQGGTLTVSS
529	BCMA-53	BC E11 19- G3-F8	scFv	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDVRVTIKCRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFGSGSGS GTDFTLTISMQPEDEGTYCYEDTSKYPTFGQGTGLEIK
530	BCMA-53 HL x CD3 HL	BC E11 19- G3-F8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVKPGEISLRISCAASGFTSFESNAWMDVVRQAPGKRLEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWQGGTLTVSSGGGSGGGSGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGDVRVTIKCRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFGSGSGTD TLTISMQPEDEGTYCYEDTSKYPTFGQGTGLEIK
531	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH CDR1	aa	EVQLVESGGGLVKPGEISLRISCAASGFTSFESNAWMDVVRQAPGKRLEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWQGGTLTVSSGGGSGGGSGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGDVRVTIKCRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFGSGSGTD TLTISMQPEDEGTYCYEDTSKYPTFGQGTGLEIK
532	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH CDR2	aa	EVQLVESGGGLVKPGEISLRISCAASGFTSFESNAWMDVVRQAPGKRLEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSLKEDTAVYYCTDDGYHWQGGTLTVSS



533	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH CDR3	aa	DGYH	
534	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA	
535	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL CDR2	aa	NANSLHT	
536	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL CDR3	aa	EDTSKYPT	
537	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGESIRLSCAASGFTESNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSKKEDTAVYYCTDDGYHWGQGLTVSS	
538	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	VL	aa	ALQMTQSPSSLSASVGRVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRFGSGGS GTFDTLTITISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFGQTKLEIK	
539	BCMA-54	BC E11 19- B2-F8	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESIRLSCAASGFTESNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSKKEDTAVYYCTDDGYHWGQGLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGRVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRFGSGSGTDF TLTISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFGQTKLEIK	
540	BCMA-54 HL x CD3 HL	BC E11 19- B2-F8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESIRLSCAASGFTESNAMDWRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQMNLSKKEDTAVYYCTDDGYHWGQGLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLSASVGRVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRFGSGSGTDF TLTISLQPEDEATYYCEDTSKYPTFGQTKLEIKKSGGGSEVQLVPSGGGLVQPGGSLKLSAAS GFTENKYMNVVQAPGKRLIEWIAQITAKSNNYATYYADSVKDAFTISRDDSKNTLYLQMNLSKKED TAVYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVSSGGGGGGGGGSGTQVVTQEPFLVSPGGTIT LTCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTRKFTLAPGTPARPSGSLGGKRAULTLSGVQPEDEA EYYCVLWYSNRWVFGGGLTVL	
541	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH CDR1	aa	NAWMD	
542	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAAPVKG	
543	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH CDR3	aa	DGYH	
544	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA	
545	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL CDR2	aa	NANSLHT	
546	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPT	

[1060]



547	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VH	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSS
548	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	VL	aa	AIQMTQSPSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGS GTDFTLTISNLPQDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK
549	BCMA-55	BC E11-20- H9-E9	scFv	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGSGGGGGGSAIQM TQSPSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGGTDF TLTISNLPQDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK
550	BCMA-55 HL x CD3 HL	BC E11-20- H9-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGSLVPRPGGSLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAAPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGSGGGGGGSAIQM TQSPSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGGTDF TLTISNLPQDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIKSGGGSEYQLVPSGGGLVQFPGSLKLSQAS GFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVAIRINSKYNNATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQNNILKTED TAVYICVRHGFNGSYISYWAYWGGTLLTVSSGGSGGGGGGQTVVTPQPSLTVPSTGTVT LTCGSGTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTRKFTAPGTPARFSGSLGGKALTLISGVQPEDEA EYYCVLWYSNRWTFGGGTKLTVL
551	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH CDR1	aa	NAAMD
552	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAEPVKG
553	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH CDR3	aa	DGYH
554	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGSLA
555	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL CDR2	aa	NANSLHT
556	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPYT
557	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VH	aa	EVQLVESGGGLVPRPGESLRLSCAASGFTFSNAMDWRQAPGKRLIEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYLQWNSLKEEDTAVYCTDDGYHWGGTLLTVSS
558	BCMA-56	BC E11-19- F11-E9	VL	aa	AIQMTQSPSLSASVGRVTTACRASIEDIRNGLAWYQKPKGKAPKLLIYNANSLHTGVPSPRSGSGS GTEFTLKISLQPEDEATYYCEETLKYPYTFGGGTKLEIK

[1061]

559	BCMA-56	BC E11-19-F11-E9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSLSASVGETVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSTEF TLKISSLQPEDEATYYCEETILKYPTFGGGTKLEIK
560	BCMA-56 HL x CD3 HL	BC E11-19-F11-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSLSASVGETVTIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSTEF TLKISSLQPEDEATYYCEETILKYPTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNHWQAPGKGLIEWARI RSKYNNVATYVADSVKRPFTLSRDDSKNTAYLQMNLIKTED TAVYYCVRRHGNFNYSYLSIYAWGGGTLLTVSSGGGGGGGGGGGQTAVYTQPSLTVSPGSGTDT LTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKFLA PGTPARFSGSLLGKKAALTLSGVQPEDEA EYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
561	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VH CDR1	aa	NAWMD
562	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNYATYYAAPVKG
563	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VH CDR3	aa	DGYH
564	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA
565	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VL CDR2	aa	NANSLHT
566	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPYT
567	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGYHWGGTLLTVSS
568	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	VL	aa	AIQMTQSPSLSASVGDRTVIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGS GTDFTLTITSSLQPEDEATYYCEETILKYPTFGGGTKLEIK
569	BCMA-57	BC E11-19-B2-E9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGFTFSNAMDWVRQAPGKLEWVAQITAKSNNYATYYAEPVK GRFTISRDDSKNTLYIQMNSLKTEDTAVYYCTDDGYHWGGTLLTVSSGGGGGGGGGSAIQM TQSPSLSASVGDRTVIACRASEDIRNGLAWYQQKPKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSTDF TLTITSSLQPEDEATYYCEETILKYPTFGGGTKLEIK

570	BCMA-57 HL x CD3 HL	BC E11-19- B2-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKREDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGDRTVITACRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHTGVPSRFSGSGSGTD TLTISSLQPEDAEALVYCEETLKYPYTFQGGTGLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLIEWARIRSKYNNYATYYADSVKDAFTISRDDSKNTAYLQMNILKTED TAVYICVAHGFNGSYISYWAYWGQTLVTVSSGGGGGGGGGSGQTAVYTFPFLVPSGGTDT LTGSSSTGAVTSGNYENWVQQKPGQAPRGLIGGTRKFLAPGTPAREFSGSLGGAALTLGSGVQPEDEA EYCVLWYSNRWVFGGGLTLTVL
571	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH CDR1	aa	NAWMD
572	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH CDR2	aa	QITAKSNNNYATYYAAPVKG
573	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH CDR3	aa	DGYH
574	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL CDR1	aa	RASEDIRNGLA
575	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL CDR2	aa	NANSLHS
576	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL CDR3	aa	EETLKYPYT
577	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKREDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSS
578	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	VL	aa	AIQMTQSPSSLASVGDRTVITKCRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGS GTDFTLTITISSMQPEDEGTYYCEETLKYPYTFQGGTKLEIK
579	BCMA-58	BC E11-19- G3-E9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKREDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGDRTVITKCRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGSGTDF TLTISMQPEDEGTYYCEETLKYPYTFQGGTKLEIK
580	BCMA-58 HL x CD3 HL	BC E11-19- G3-E9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGESLRISCAASGGFTFSNAWMDWVRQAPGKRLIEWIAQITAKSNNNYATYYAAPVK GRFTISRDSKNTLYIQMNSLKREDTAVYYCTDDGYHWGGTLVTVSSGGGGGGGGGGGSAIQM TQSPSSLASVGDRTVITKCRASEDIRNGLAWYQQKPGKAPKLLIYNANSLHSGVPSRFSGSGSGTDF TLTISMQPEDEGTYYCEETLKYPYTFQGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLIEWARIRSKYNNYATYYADSVKDAFTISRDDSKNTAYLQMNILKTED

[1063]

[1064]

[illegible]



592	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG
593	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGfAY
594	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
595	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL CDR2	aa	GASNRHT
596	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
597	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTlVTVSSGGGGGGGGGG FTISRDNKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTlVTVSS
598	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGSGS GREFTLTITSSLOSEDFAVYICLQYGSIPFTFGGTkVDIK
599	BCMA-60	BC 5G9-91-C7	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTlVTVSSGGGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTITSSLOSEDFAVYICLQYGSIPFTFGGTkVDIK
600	BCMA-60 HL x CD3 HL	BC 5G9-91-C7 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGfAYWGQGTlVTVSSGGGGGGGGGGGG GSEIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCKASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIIYGASNRHTGIPARFSGS GSGREFTLTITSSLOSEDFAVYICLQYGSIPFTFGGTkVDIKSGGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNRYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKYNNATYADSVKDRFTISRDSNRHTAYLQMN NLKTEDTAVYVCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTlVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTIVVTQEPSTLVS PGGTITLTGGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRLIGGTkFLAPGTPARFSGSLLGKKAULTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRWVEGGTklTVL
601	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH CDR1	aa	NYDMA
602	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG
603	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGfAY
604	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD



605	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL CDR2	aa	GASNRHT	
606	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
607	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQNSLSRSEDFAVYICVRHDYDGSYGFAIWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGG FTISRDNSKNTLYLQNSLSRSEDFAVYICVRHDYDGSYGFAIWGQGTLTIVTSS	
608	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	VL	aa	EIVMTQSPATLSVSPGERVTLSCRASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIITYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTITSSLSQSEDFAVYICLYGSIPTFGPGTKVDIK	
609	BCMA-61	BC 5G9-91-E4	scFv	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGR FTISRDNSKNTLYLQNSLSRSEDFAVYICVRHDYDGSYGFAIWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGG GSEIWMQSPATLSVSPGERVTLSCRASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLIITYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTITSSLSQSEDFAVYICLYGSIPTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVARIRSKYNNATYVADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLTIVTSSGGGGSGGGSGGGSGGTIVTQEPSTIVS PGGIIVTLPGSSTGAVTSGNYENWVQKPGQAPRLIITYGASNRHTGIPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYCYCLMYSNRWFGGSKLTVL	
610	BCMA-61 HL x CD3 HL	BC 5G9-91-E4 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		
611	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH CDR1	aa	NYDMA	
612	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG	
613	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH CDR3	aa	HDYDGSYGFAI	
614	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD	
615	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL CDR2	aa	GASNRHT	
616	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT	
617	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VH	aa	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVASITSGGDNYYRDSVKGR	

[1067]

618	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	VL	aa	FTVSRDNSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGFAYWGQGLTVTVSS EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGSGS GTEFTLTISLQAEDFAVYVCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK
619	BCMA-62	BC 5G9-92-E10	scFv	aa	QVQLVESGGGVYQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWVASITTSGGDNYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGFAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGSGSGS GSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDFAVYVCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK
620	BCMA-62 HL x CD3 HL	BC 5G9-92-E10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVESGGGVYQPGRSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWVASITTSGGDNYYRDSVKGR FTVSRDNSKNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCVRHDYDGSYGFAYWGQGLTVTVSSGGSGSGSGSGSGS GSEIVMTQSPATLSVSPGERATLSCASQSVGINVDWYQQKPGQAPRLLIYGASNRHTGIPARFSGS GSGTEFTLTISLQAEDFAVYVCLQYGSIPFTFGPGTKVDIK LSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWVASITTSGGDNYYRDSVKGR NLKTEDTAVYVCVRHGFNGSYISYAWWGQGLTVTVSSGGSGSGSGSGSGSQTAVTQEPFLTVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQQKPGQAPRLIGGTGKFLAPGTPARFSGSLLGKKAFLTSGV QPEDEAEYVYCYLWYNNRWVFGGSKLTVL
621	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH CDR1	aa	NYDMR
622	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH CDR2	aa	SISTRGDIITSYRDSVRG
623	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH CDR3	aa	QDYVTDYMGFAY
624	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL CDR1	aa	RASDIYNGLA
625	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL CDR2	aa	GASSLIQD
626	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL CDR3	aa	QQSYKYPPLT
627	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNARNTLYLQMNLSRAEDTAVYVCARQDYITDYMGFAYWGQGLTVTVSS
628	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	VL	aa	AIQMTQSPFSSLSASVGTDTVITCRASEDIYGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTDVTLTISLQPEDAEATYYCQQSYKYPLTFGGGTKVEIK
629	BCMA-63	BC 3A4-37-C8	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR

[1068]

630	BCMA-63 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
631	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH CDR1	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMWVRQAPGKGLIEWYSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
632	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH CDR2	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
633	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH CDR3	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
634	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL CDR1	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
635	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL CDR2	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
636	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL CDR3	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
637	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VH	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
638	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	VL	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
639	BCMA-64	BC 3A4-37- C9	scFv	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK
640	BCMA-64 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	FTISRDNKNTLLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFPAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGDTFTLTISMQPEDEATYYCQSYKYPLTFGGGTKEIK

						GSATQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTDFLTITSSMQPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWVROAPGRGLEWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISWAYWGQGTLLTVSSGGGGSGGGGGSGTIVTQEPSLTVS PGGTWTLTQGSSTGAVTSGNYPNWVQQRPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVEGGGKLTIVL
641	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH CDR1	aa	NYDMA	
642	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVKG	
643	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH CDR3	aa	QDYTYDYGFAV	
644	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	
645	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL CDR2	aa	GASSLQD	
646	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL CDR3	aa	QQSYKYPLT	
647	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGRGLEWVSSISTRGDITSYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTYDYGFAWGQGTLLTVSS	
648	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GTHYTLTITSSLOPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGTKVEIK	
649	BCMA-65	BC 3A4-37- E11	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGRGLEWVSSISTRGDITSYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTYDYGFAWGQGTLLTVSSGGGGSGGGSGG GSATQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTITSSLOPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGTKVEIK	
650	BCMA-65 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- E11 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGRGLEWVSSISTRGDITSYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARQDYTYDYGFAWGQGTLLTVSSGGGGSGGGSGG GSATQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTHYTLTITSSLOPEDEATYYCQSSYKYPLTFGGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWVROAPGRGLEWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISWAYWGQGTLLTVSSGGGGSGGGGGSGTIVTQEPSLTVS PGGTWTLTQGSSTGAVTSGNYPNWVQQRPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGV	



						QPEDEAEYVCVLWYSNRWVEGGTKLTVL
651	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH CDR1	aa		NYDMA
652	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH CDR2	aa		SISTRGDITSYRDSVKG
653	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH CDR3	aa		QDYITDYMGFAY
654	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL CDR1	aa		RASEDIYNGLA
655	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL CDR2	aa		GASSLQD
656	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL CDR3	aa		AGPHKYPLT
657	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VH	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCARQDYTDYMGFAIWGQGTLTIVSS
658	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	VL	aa		AIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSLPQPEDEATYICAGPHKYPLTFGGGTKVEIK
659	BCMA-66	BC 3A4-37- C8-G1	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCARQDYTDYMGFAIWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGSGG GSAITQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPQPEDEATYICAGPHKYPLTFGGGTKVEIK
660	BCMA-66 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C8-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVSSISTRGDITSYRDSVKGR FTISRDNKNTLYLQMNLSRAEDTAVYCARQDYTDYMGFAIWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGSGG GSAITQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPQPEDEATYICAGPHKYPLTFGGGTKVEIK LSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKLEWVSSISTRGDITSYRDSVKGR NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGG PGGTITLTGSGSGTGAFTSGNYFNWVQKPGQAPRGILIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLISGV QPEDEAEYVCVLWYSNRWVEGGTKLTVL
661	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH CDR1	aa		NYDMA
662	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH CDR2	aa		SISTRGDITSYRDSVKG



663	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH CDR3	aa	QDIYYTDYMGFAY	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSS
664	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	AIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGSGS GTHYTLTISSLOPEDEATYYCAGPHKYPITLTFGGGTKVEIK
665	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL CDR2	aa	GASSIQD	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSS
666	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL CDR3	aa	AGPHKYPLT	AIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASEDIYNGLAWYQKPGKAPKLLIYGASSIQDGVPSRFSGSGS GTHYTLTISSLOPEDEATYYCAGPHKYPITLTFGGGTKVEIK
667	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VH	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
668	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	VL	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
669	BCMA-67	BC 3A4-37- E11-G1	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
670	BCMA-67 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- E11-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
671	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH CDR1	aa	NYDMA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
672	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH CDR2	aa	SISTRGDITTSYRDSVKR	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
673	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH CDR3	aa	QDIYYTDYMGFAY	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
674	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG
675	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL CDR2	aa	GASSIQD	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVROAPGKGLEWVSSTISRGDITTSYRDSVKGR FTISRDNSENKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYTDYMGFAYWGQGTLTIVSSGGGSGGGSGGGG

676	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL CDR3	aa	QQSRNYQQT	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSS
677	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VH	aa		ATQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSIQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKEIK
678	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	VL	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSSGGSGSGSGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSIQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKEIK
679	BCMA-68	BC 3A4-37- C8-G8	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSSGGSGSGSGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSIQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKEIK
680	BCMA-68 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C8-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSSGGSGSGSGSGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSIQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKEIK
681	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH CDR1	aa	NYDMA	
682	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSYKGR	
683	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH CDR3	aa	QDYITDYMGFAY	
684	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	
685	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL CDR2	aa	GASSLQD	
686	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL CDR3	aa	QQSRNYQQT	
687	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VH	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSYKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCARQDYITDYMGFAYWGQGLTIVTSS
688	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	VL	aa		ATQMTQSPSSLSASVGDVTITCRASEDIYNGLAWYQQKPKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS

[1072]

		E11-G8				GTHYTLTISSLQPEDEATYQQQSRNYQQTFGGTRVEIK
689	BCMA-69	BC 3A4-37- E11-G8	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIYSYRDSVKGR FTISRDNSTNTLYLQMNLSLAEDTAVYICARDIYTDYMGFAVWGQGTLTIVSSGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVESRFSGS GSGTHYTLTISSLQPEDEATYQQQSRNYQQTFGGTRVEIK
690	BCMA-69 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- E11-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIYSYRDSVKGR FTISRDNSTNTLYLQMNLSLAEDTAVYICARDIYTDYMGFAVWGQGTLTIVSSGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVESRFSGS GSGTHYTLTISSLQPEDEATYQQQSRNYQQTFGGTRVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNVRQAPGKLEWVARIRSKYNNVATYVADSVKDRFTISRDNSTNTAYLQMN NLKTEATAYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLTIVSSGGSGGGSGGGSTVITVEPSLTVS PGGTVTLTGSGSTGAVTSGNYPNWQKPGQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLLGKKAALTISGV QPDEAEIYCYVLMWYNNRVFGGTRKLTIVL
691	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VH CDR1	aa		NYDMA
692	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VH CDR2	aa		SLSTRGDIYSYRDSVKG
693	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VH CDR3	aa		QDIYTDYMGFAV
694	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VL CDR1	aa		RASEDIYNGLA
695	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VL CDR2	aa		GASSLQD
696	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VL CDR3	aa		QQSRNYQQT
697	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VH	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIYSYRDSVKGR FTISRDNSTNTLYLQMNLSLAEDTAVYICARDIYTDYMGFAVWGQGTLTIVSS
698	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	VL	aa		AIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVESRFSGS GTEFTLTITSSLQPEDEATYQQQSRNYQQTFGGTRVEIK
699	BCMA-70	BC 3A4-37- A11-G8	scFv	aa		EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKLEWVSSISTRGDIYSYRDSVKGR FTISRDNSTNTLYLQMNLSLAEDTAVYICARDIYTDYMGFAVWGQGTLTIVSSGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASEDIYNGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVESRFSGS GSGTEFTLTITSSLQPEDEATYQQQSRNYQQTFGGTRVEIK

[1073]

700	BCMA-70 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- A11-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQNNSLRAEDTAVYICARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASEDINGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITSSLPQPEDEATYVCOQSRNYQOTFGGKTKVEIKSGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLRTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGGSGGTIVTQEPFLTWS PGGIVTLTGGSTGAVTSGNYPNWVQKQAPRGILGKTKFLAPGTPARFSGSLIGKKAALTLGCV QPEDEATYCVLMYSNRWVFGGKTKLTVL
701	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH CDR1	aa	NYDMA
702	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH CDR2	aa	SISTRGDIITSYRDSVKG
703	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH CDR3	aa	QDYITDYMGFAI
704	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA
705	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL CDR2	aa	GASSLQD
706	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL CDR3	aa	AGPHKYFLT
707	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQNNSLRAEDTAVYICARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASEDINGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITSSLPQPEDEATYVCOQSRNYQOTFGGKTKVEIK
708	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASEDINGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTEFTLTITSSLPQPEDEATYVCOQSRNYQOTFGGKTKVEIK
709	BCMA-71	BC 3A4-37- A11-G1	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQNNSLRAEDTAVYICARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASEDINGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITSSLPQPEDEATYVCOQSRNYQOTFGGKTKVEIK
710	BCMA-71 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- A11-G1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPGKGLWVSSISTRGDIITSYRDSVKGR FTISRDNKNTILYLQNNSLRAEDTAVYICARQDIYTDYMGFAIWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGRVITTCRASEDINGLAWYQOKPGKAPKLLIYGASSLQDGVPSRFSGS GSGTEFTLTITSSLPQPEDEATYVCOQSRNYQOTFGGKTKVEIKSGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN

[1074]



[illegible]



722	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVKG	
723	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VH CDR3	aa	QDIYTDYMGFAY	
724	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLIA	
725	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL CDR2	aa	GASSLQD	
726	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL CDR3	aa	QQSRNYQQT	
727	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VH	aa	EVQLLESGGGLVQPGRLSRRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG	
728	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	VL	aa	AIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGPSPRFSFGS GTDFTLTISMQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKVEIK	
729	BCMA-73	BC 3A4-37- C9-G8	scFv	aa	EVQLLESGGGLVQPGRLSRRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGPSPRFSFGS GSGTDFTLTISMQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKVEIK	
730	BCMA-73 HL x CD3 HL	BC 3A4-37- C9-G8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLLESGGGLVQPGRLSRRLSCAASGFTFSNYDMAVRQAPGKGLEWYSSISTRGDITSYRDSVKG FTISRDNKNTLYLQMNLSLRAEDTAVYICARQDYTDYMGFAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGG GSAIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASEDIYNGLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQDGPSPRFSFGS GSGTDFTLTISMQPEDEATYYCQQSRNYQQTFGGGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNVRQAPGKLEWVARIRSKYNNYATYYADSVDRFTISRDKNTAVIQLMN NLKTEDTAVYCYRHNFGNSYISYWAYWGQGTIVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGTAVTQEPSELTVS FGGTIVTLTCGSGTGAVTSGNYFNWVQQKPGQAPRGLIGGTRKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLISGV QPEDEAEYCYLVWYSNRWVFGGGTKLTVL	
731	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH CDR1	aa	NFDMA	
732	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH CDR2	aa	SITTGSGGDTYYADSVKG	
733	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
734	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL CDR1	aa	RASQGLSNVILN	

[1076]

735	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL CDR2	aa	YTSNLIQS	
736	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL CDR3	aa	MGQTISST	
737	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLTVSS	
738	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNLYLNWYQKPKAPKPLIYYTTSNLIQSGLVPSRFSGSGS GTDYTLTITSSLPEDFATYYCMGQTISSYTFQGQTKLEIK	
739	BCMA-74	BC C3-33- D7-B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNLYLNWYQKPKAPKPLIYYTTSNLIQSGLVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPEDFATYYCMGQTISSYTFQGQTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQTLTVSSGGGGSGGGSGGGGQTIVVTQEPSTIVS PGGTWLTQGSSTGAVTSGNYPNNWQKPKAPKPLIYGTGKFLAPGTPARFSGSLGGKALTLSGY QPEDEAEYCYCLWYSNRWFGGQTKLTVL	
740	BCMA-74 HL x CD3 HL	BC C3-33- D7-B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQTLTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNLYLNWYQKPKAPKPLIYYTTSNLIQSGLVPSRFSGSGS GSGTDYTLTITSSLPEDFATYYCMGQTISSYTFQGQTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQTLTVSSGGGGSGGGSGGGGQTIVVTQEPSTIVS PGGTWLTQGSSTGAVTSGNYPNNWQKPKAPKPLIYGTGKFLAPGTPARFSGSLGGKALTLSGY QPEDEAEYCYCLWYSNRWFGGQTKLTVL	
741	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH CDR1	aa	NFDMA	
742	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH CDR2	aa	SLTTGGGDTYYADSVKAG	
743	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
744	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN	
745	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL CDR2	aa	YTSNLIQS	
746	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL CDR3	aa	MGQTISST	
747	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR	

[1077]

748	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	VL	aa	FTISRDNAKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLTVSS
749	BCMA-75	BC C3-33- F8-B1	scFv	aa	DIQMTQSPFSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSNLSGVPSPRFGSGSG GTDYTLTITSSLPQEDFATYYCMGQTISSYTFQGTKEIK
750	BCMA-75 HL x CD3 HL	BC C3-33- F8-B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLTVSSGGSGSGSGSGSG GSDIQMTQSPFSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSNLSGVPSPRFGSGS GSGTDYTLTITSSLPQEDFATYYCMGQTISSYTFQGTKEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGGDTYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYVCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTFLTVSSGGSGSGSGSGSGSGTAVVTQEPRLTVS PGGVTLTGGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTTKFLAPGTPARFPGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRWVEGGTKLTVL
751	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VH CDR1	aa	NFDMA
752	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VH CDR2	aa	SITTGGGDTYYADSVKRG
753	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
754	BCMA-76	BC C3-33- F8-B1	VL CDR1	aa	RASQGISNYLN
755	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VL CDR2	aa	YTSNLS
756	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VL CDR3	aa	MGQTISSYT
757	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQNNSLRAEDTAVYVCVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLTVSS
758	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	VL	aa	DIQMTQSPFSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLNWYQQKPKAPKPLIYYTSNLSGVPSPRFGSGSG GTDYTLTITSSLPQEDFATYYCMGQTISSYTFQGTKEIK
759	BCMA-76	BC C3-33- F9-B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTGGDTYYADSVKGR

[1078]

760	BCMA-76 HL x CD3 HL	BC C3-33- F9-B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	FTISRDNKNTLYLQMDSLRSEDATAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIK EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRSEDATAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLWVARIRSKYNNVATYVADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGFNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTVTVTFEPLTVS PGGTTLITCGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKLPAGTPAFSGSILGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYLVWYSNRWVFGGKTLIVL
761	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH CDR1	aa	NFDNA
762	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH CDR2	aa	SITTCGGDTYYADSVKG
763	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH CDR3	aa	HGYDGYHLEFDY
764	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL CDR1	aa	RAAQGISNLYN
765	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL CDR2	aa	YTSNLQS
766	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL CDR3	aa	MGQTISSYT
767	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSS
768	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GTDFTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIK
769	BCMA-77	BC C3-33- F10B1	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISNLYNWYQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGS GSGTDFTLTISLQPEDFATYVCMGQTISSYTFGQGTKEIK
770	BCMA-77 HL x CD3 HL	BC C3-33- F10B1 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPKGLWVSSITTCGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGG

[1079]



						GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLNWQKQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRPSGS GSGTDTLTITSSIQPEDFATYYCMGQTISSTYFGQGTKEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWVRQAPGKLEWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCYVRHGNFGNSYISYWAYWQGTLTITVSSGGGGGGGGGSLQVWVQEPSTLTVS PGGTVLTTCGSGTGAVTSGNYPNWVQKQKQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAAALTILSGV QPEDAEAYCYVLYWYSNHWVFGGGTKLTVL
771	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH CDR1	aa	NFDMA	
772	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKG	
773	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH CDR3	aa	HGYIDGYHLFDY	
774	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
775	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
776	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	
777	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTTLTVSS	
778	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWQKQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRPSGS GTDFTLTITSSIQPEDFATYYCQQYFDRPYTGGGTVKELK	
779	BCMA-78	BC E5-33- A11-A10	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWQKQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRPSGS GSGTDTLTITSSIQPEDFATYYCQQYFDRPYTGGGTVKELK	
780	BCMA-78 HL x CD3 HL	BC E5-33- A11-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNLSRAEDTAVYYCVRHGYIDGYHLFDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWQKQKGRAPKPLIYYTSLNQSGVPSRPSGS GSGTDTLTITSSIQPEDFATYYCQQYFDRPYTGGGTVKELK	



781	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH CDR1	aa	QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGKTLTVL
782	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH CDR2	aa	NFDMA
783	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH CDR3	aa	SITTTGGGDTYYADSVKGG
784	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL CDR1	aa	HGYVDGYHLEFDY
785	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL CDR2	aa	RASQGISNHLN
786	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL CDR3	aa	YTSNLIQS
787	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VH	aa	QQYEDRPT
788	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	VL	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGTFESNFDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWKQKPKAPKPLIYYTNSLNQSGVPRFSGS GSGTDYTLTISSLPEDFATYYCQQYEDRPTFGGGTKVEIK
789	BCMA-79	BC E5-33- B11-A10	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGTFESNFDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWKQKPKAPKPLIYYTNSLNQSGVPRFSGS GSGTDYTLTISSLPEDFATYYCQQYEDRPTFGGGTKVEIK
790	BCMA-79 HL x CD3 HL	BC E5-33- B11-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGTFESNFDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYCVRHGYDGYHLEFDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTISCRASQGISNHLNWKQKPKAPKPLIYYTNSLNQSGVPRFSGS GSGTDYTLTISSLPEDFATYYCQQYEDRPTFGGGTKVEIK
791	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH CDR1	aa	NFDMA
792	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKGG

793	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
794	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
795	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
796	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	
797	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTILYLQMDSLRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG	
798	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLNFPQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVSPRFRFGSGS GTDFTLTITSSLPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTVEIK	
799	BCMA-80	BC E5-33- G11-A10	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTILYLQMDSLRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLNFPQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVSPRFRFGSGS GSGTDTLTITSSLPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTVEIK	
800	BCMA-80 HL x CD3 HL	BC E5-33- G11-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNEDMAVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTILYLQMDSLRAEDTAVYICVRHGYDGYHLFDYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNHLNFPQKPGKAPKPLIYYTSLNLSQGVSPRFRFGSGS GSGTDTLTITSSLPEDFATYYCQQYFDRPYTFGGGTVEIK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGGDTYYADSVKDRFTISRDDSKVTAYLQMN NLKTEDTAVYICVRHGFNSYISYWAYWGQGTFLVTVSSGGGGSGGGSGGGTIVVTQEPSTLTVS PGGTWTLFGSSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGGTFKLAPGTPTARTSGSLLGKKAALTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGGLIVL	
801	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH CDR1	aa	NFDMA	
802	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKG	
803	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY	
804	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
805	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL CDR2	aa	YTSNLQS	

806	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL CDR3	aa	QQYFDRPYT	EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSS
807	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VH	aa		DIQMTQSPSSLSASVGERVITTCRASQGISNHLNWYQKPKGAPKPSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTITSSIQPEDFATYYCOQYFDRPYTGGGKVEIK
808	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	VL	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGERVITTCRASQGISNHLNWYQKPKGAPKPSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GSGTDFLTITSSIQPEDFATYYCOQYFDRPYTGGGKVEIK
809	BCMA-81	BC E5-33- G12-A10	scFv	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGERVITTCRASQGISNHLNWYQKPKGAPKPSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GSGTDFLTITSSIQPEDFATYYCOQYFDRPYTGGGKVEIK
810	BCMA-81 HL x CD3 HL	BC E5-33- G12-A10 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGERVITTCRASQGISNHLNWYQKPKGAPKPSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS GSGTDFLTITSSIQPEDFATYYCOQYFDRPYTGGGKVEIK LSCAASGFTFNKYAMNVRQAPAKGLEWVARIRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYVCVRHGNFNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGGSGG PGGTWLTGSGSTGAVTSGNYPNMQKPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARTFSGSLGGKALTLISGV QPEDEAEYYCVLWYSNRNVEGGGKTLVTL
811	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH CDR1	aa	NFDMA	
812	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKG	
813	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH CDR3	aa	HGYVDGYHLFDY	
814	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN	
815	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL CDR2	aa	YTSNLQS	
816	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL CDR3	aa	QQYSNLPYT	
817	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VH	aa		EVQLVESGGGLVQPGKSLRLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPAKGLEWVSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNANKNTLYLQMNSLRAEDTAVYVCVRHGYVDGYHLFDYWGQGTLLTVSS
818	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	VL	aa		DIQMTQSPSSLSASVGERVITTCRASQGISNHLNWYQKPKGAPKPSLIYYTNSLQSGVPSRFSGSGS

[1083]

819	BCMA-82	BC E5-33- A11-B8	scFv	aa	GTDTLTITSSIQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVYSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTISCRASQGISNHLAWFQOKPGRAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGS GSGTDFTLTITSSIQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK
820	BCMA-82 HL x CD3 HL	BC E5-33- A11-B8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVYSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTISCRASQGISNHLAWFQOKPGRAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGS GSGTDFTLTITSSIQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK LSCAASGFTFNKYMNVWRQAPGKGLVWYSSITGGGDTYYADSVKGRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNYSISYWAYWGQGTLLTVYSSGGSGSGSGSGSGGQTIVTQEPSLTVS PGGTITLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQPRGLIGGTFKFLAPGTARFSGSLILGGKAALTLTSGV QPEDEAEYCYVLMYSNRNWVFGGTKLTVL
821	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH CDR1	aa	NFDMA
822	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKGG
823	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
824	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL CDR1	aa	RASQGTISNHLN
825	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL CDR2	aa	YTSNLQS
826	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL CDR3	aa	QQYSNLPYT
827	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVYSS
828	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTTISCRASQGISNHLAWYQOKPGRAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGS GTDYTLTITSSIQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK
829	BCMA-83	BC E5-33- B11-B8	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWRQAPGKGLVWYSSITGGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVYSSGGSGSGSGSGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTISCRASQGISNHLAWYQOKPGRAPKPLIYYTNSLQSGVPSRFSGS GSGTDYTLTITSSIQPEDFATYYCQYSNLPYTFGGTKVEIK

[1084]



830	BCMA-83 HL x CD3 HL	BC E5-33- B11-B8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNMYQQPKGAPKPSLIYYTSNLSQGVPSRPSGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPTFGGQTKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTATYYCVRHGNGFNSYISVWAYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGGGSGTAVTTPQPSITVS PGGTFTLTGSGSTGAVTSGNYPNWVQKQAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLILGGKRALTLGCV QPEDEAEYYCVLMYSNRWVFGGQTKLTVL
831	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH CDR1	aa	NFDMA
832	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH CDR2	aa	SITTTGGGDTYYADSVKNG
833	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
834	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN
835	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL CDR2	aa	YTSNLQS
836	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL CDR3	aa	QQYSNLPT
837	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKLEWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNMYQQPKGAPKPSLIYYTSNLSQGVPSRPSGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPTFGGQTKVEIK
838	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNMYQQPKGAPKPSLIYYTSNLSQGVPSRPSGS GTDFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPTFGGQTKVEIK
839	BCMA-84	BC E5-33- G12-B8	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKLEWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNMYQQPKGAPKPSLIYYTSNLSQGVPSRPSGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPTFGGQTKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN
840	BCMA-84 HL x CD3 HL	BC E5-33- G12-B8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKLEWVSSITTTGGDTYYADSVKGR FTISRDNKNTLYLQMDSLRAEDTAVYYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTTLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNHLNMYQQPKGAPKPSLIYYTSNLSQGVPSRPSGS GSGDTFTLTITSSLPQPEDFATYYCOQYSNLPTFGGQTKVEIKSGGGGSEVOLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKLEWVARIRSKNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNTAYLQMN

[1085]



[1086]

841	BCMA-85	BC C6-97-G5	VH CDR1	aa	NFGMN	NLKTEDTAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGGGGGQTVVTVQEPESLTVSV PGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWVQQRPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPDEAEYYCVLWYSNRNVFEGGTKLTVL
842	BCMA-85	BC C6-97-G5	VH CDR2	aa	WINTVTGSIYADDFKG	
843	BCMA-85	BC C6-97-G5	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
844	BCMA-85	BC C6-97-G5	VL CDR1	aa	RASQDISNYLIN	
845	BCMA-85	BC C6-97-G5	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
846	BCMA-85	BC C6-97-G5	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
847	BCMA-85	BC C6-97-G5	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYCKASGYTFTFNFGMNWVRQAPGGGLEWGMINTVTGESIYADDFKGR FVFSLDTSVTYAYLQINSLKDEDTAVYVCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVTVSS	
848	BCMA-85	BC C6-97-G5	VL	aa	DIQMTQSPFSSLSASLGRDVTITCRASQDISNYLNWYQQRPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGGIS GTDYTLTISSLEPEDIAITYYCOQGNITLPWTFGQGTKEIK	
849	BCMA-85	BC C6-97-G5	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYCKASGYTFTFNFGMNWVRQAPGGGLEWGMINTVTGESIYADDFKGR FVFSLDTSVTYAYLQINSLKDEDTAVYVCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPFSSLSASLGRDVTITCRASQDISNYLNWYQQRPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLEPEDIAITYYCOQGNITLPWTFGQGTKEIK	
850	BCMA-85 HL x CD3 HL	BC C6-97-G5 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKYCKASGYTFTFNFGMNWVRQAPGGGLEWGMINTVTGESIYADDFKGR FVFSLDTSVTYAYLQINSLKDEDTAVYVCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPFSSLSASLGRDVTITCRASQDISNYLNWYQQRPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTISSLEPEDIAITYYCOQGNITLPWTFGQGTKEIK	
851	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH CDR1	aa	NFGMN	NLKTEDTAVYCVRHGNGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGSGGGGGGGGQTVVTVQEPESLTVSV PGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWVQQRPGQAPRGLIGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPDEAEYYCVLWYSNRNVFEGGTKLTVL

852	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH CDR2	aa	WINTVTGESIYADDFKG
853	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
854	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
855	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL CDR2	aa	YTSRLHS
856	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
857	BCMA-86	BC C6-98-C8	VH	aa	QVQLVQSGSEELKPKGASVKYSCKASGYTFITNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGSGGGSGGG
858	BCMA-86	BC C6-98-C8	VL	aa	DIQMTQTPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQQKPKGALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLPEDATYYCQQGNTLPWTFGGTKVEIK
859	BCMA-86	BC C6-98-C8	scFv	aa	QVQLVQSGSEELKPKGASVKYSCKASGYTFITNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGSGGGSGGG GSDIQMTQTPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQQKPKGALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLPEDATYYCQQGNTLPWTFGGTKVEIK
860	BCMA-86 HL x CD3 HL	BC C6-98-C8 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSEELKPKGASVKYSCKASGYTFITNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGSGGGSGGG GSDIQMTQTPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQQKPKGALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLPEDATYYCQQGNTLPWTFGGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGQGLEWVARIRSKYNNVATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSIISYWAYWGQGTFLVTVSSGGSGGGSGGGGSGTIVTQEPSLTIVS PGGTWTLFGGSSTGAVTSGNYPNWVQKQAPRGLIGGTFKFLAFTPARFSGSLIGGKALTLISGV QPEDEAEYYCYVLWYSNRNVFGGTKLTVL
861	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH CDR1	aa	NFGMN
862	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH CDR2	aa	WINTVTGESIYADDFKG
863	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
864	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN

[1087]

865	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
866	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
867	BCMA-87	BC C6-97-A6	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSCKASGYTFNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYICARGGVGYDAMDYWGQGTFLVTVSS	
868	BCMA-87	BC C6-97-A6	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISILEQEDDIATYFCQQGNTLPWTFGQGTKEIK	
869	BCMA-87	BC C6-97-A6	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSCKASGYTFNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYICARGGVGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISILEQEDDIATYFCQQGNTLPWTFGQGTKEIK	
870	BCMA-87 HL x CD3 HL	BC C6-97-A6 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSCKASGYTFNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYICARGGVGYDAMDYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQDISNYLNWYQOKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISILEQEDDIATYFCQQGNTLPWTFGQGTKEIKSGGGGGGGGGGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKVMNMWVRQAPGKGLWVARIRSKYNNIATYYADSVKDRFTISRQDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYICYRHGNEGNSYISYWAYWGQGTFLVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTIVTQEPSLTVS FGGTVTLTCCGSTGAVTSGNYENWVQOKPKAPGLIGGTFKFLAPGTFARFSGSLLGKAAALTISGV QPEDEAEYCYCLWYSNENWFEGGTKLTVL	
871	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH CDR1	aa	NFGMN	
872	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH CDR2	aa	WINTYTGESIVADDFKG	
873	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
874	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN	
875	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
876	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VL CDR3	aa	QSEFATLPWT	
877	BCMA-88	BC C6-98-C8-E3	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSCKASGYTFNFGMNVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR	

[1088]

878	BCMA-88	BC C6-98- C8-E3	VL	aa	FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSS DIQMTQTPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNLYNWQQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLQPEDIAITYCOQSFATLPWTFGQGTKEIK
879	BCMA-88	BC C6-98- C8-E3	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGG GSDIQMTQTPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNLYNWQQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLQPEDIAITYCOQSFATLPWTFGQGTKEIK
880	BCMA-88 HL x CD3 HL	BC C6-98- C8-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKASGYTFTNFGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGG GSDIQMTQTPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNLYNWQQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLQPEDIAITYCOQSFATLPWTFGQGTKEIK LSCAASGFTFNKYMAMNWRQAPGKGLEWVARIRSKNNYATYYADSVDRFTISRDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGQTVVTPQEPSLTVS FGGTWTLTCGSSGTGAVTSGNYPNWWQQKPGQAPRGLIGGTRFLAFGTPTARFSGSLDGKAAALTSGY QPEDEAEYYCYVLMYSNRWVFGGTKLTVL
881	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH CDR1	aa	NFGMN
882	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH CDR2	aa	WINTYTGESIVADDFKG
883	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
884	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL CDR1	aa	RASQDISNLYN
885	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS
886	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL CDR3	aa	QSFAFLPWT
887	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKISKASGYTFTNFGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR FVFSSTSVSTAYLQINSLKAEEDTAVYFCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSS
888	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNLYNWQQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYFTTISNLQPEDIAITYCOQSFATLPWTFGQGTKEIK
889	BCMA-89	BC C6-98- A1-E3	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKISKASGYTFTNFGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESIVADDFKGR

[1089]



890	BCMA-89 HL x CD3 HL	BC C6-98- A1-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
891	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH CDR1	aa	NFGMN	QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
892	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH CDR2	aa	WINTVTGHSIYADDFKG	QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
893	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
894	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL CDR1	aa	RASQDISNLYN	QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
895	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS	QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
896	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL CDR3	aa	QSFATLPWT	QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
897	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VH	aa		QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
898	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	VL	aa		DIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
899	BCMA-90	BC C6-97- G5-E3	scFv	aa		QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK
900	BCMA-90 HL x CD3 HL	BC C6-97- G5-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		QVQLVQSGSELKPGASVKISCKASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTVTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLRKEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTTLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVITISCRASQDISNLYINWYQOKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTFETISNLPEDIAIYYCQSFATLPWTFGQGTKEIK

[1090]



						GSDIQMTQSPSSLSASLGRVTTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTIISLEPEDIATYVFCQSFATLPWTFGQGTKVEIKSGGGSEYQLVESGGGIVQPGGSLK LSCRASGTFENKYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNFGNSYISWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTAVTVQPSLTVS PGGTVTITCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGCTKFLAPGTPARFSGSLGCKAALTLSGV QPEDEAEYCVLWYSNRNVFGGGLTVL
901	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH CDR1	aa	NFGMN	
902	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH CDR2	aa	WINTYTGESIYADDFKG	
903	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY	
904	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL CDR1	aa	RAQDISNYLN	
905	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
906	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL CDR3	aa	QSFATLPWT	
907	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VH	aa	QVQLVQSGSEELKKPGASVKYSCRASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGMINTYTGESIYADDFKGR FVPSLDTSTVTTAYLQINSLEKDEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVTVSS	
908	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGRVTTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GTDYTLTIISLEQEDIATYFCQSFATLPWTFGQGTKVEIK	
909	BCMA-91	BC C6-97- A6-E3	scFv	aa	QVQLVQSGSEELKKPGASVKYSCRASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGMINTYTGESIYADDFKGR FVPSLDTSTVTTAYLQINSLEKDEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTIISLEQEDIATYFCQSFATLPWTFGQGTKVEIK	
910	BCMA-91 HL x CD3 HL	BC C6-97- A6-E3 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSEELKKPGASVKYSCRASGYTFTNFGMNWVRQAPGQGLEWMGMINTYTGESIYADDFKGR FVPSLDTSTVTTAYLQINSLEKDEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GSGTDYTLTIISLEQEDIATYFCQSFATLPWTFGQGTKVEIKSGGGSEYQLVESGGGIVQPGGSLK LSCRASGTFENKYAMNWRQAPGKGLWVARIRSKYNNYATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCVRHGNFGNSYISWAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGQTAVTVQPSLTVS PGGTVTITCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGCTKFLAPGTPARFSGSLGCKAALTLSGV	

[1091]

							QPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGTKLTVL
911	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH CDR1	aa			NFGMN
912	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH CDR2	aa			WINTYTGESYADDFKG
913	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH CDR3	aa			GGVYGGYDAMDY
914	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL CDR1	aa			RASQDISNYIN
915	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL CDR2	aa			YTSRLHS
916	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL CDR3	aa			QHFTLIPWT
917	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VH	aa			QVQLVQSGSELKPKPGASVKVSKASGYTFITNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG
918	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	VL	aa			DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSLEPEDIAITYCOHFRTLPWTFGQGTKEIK
919	BCMA-92	BC C6-97- G5-G9	scFv	aa			QVQLVQSGSELKPKPGASVKVSKASGYTFITNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLEPEDIAITYCOHFRTLPWTFGQGTKEIK
920	BCMA-92 HL x CD3 HL	BC C6-97- G5-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa			QVQLVQSGSELKPKPGASVKVSKASGYTFITNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYICARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCRASQDISNYLNWYQQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS LSCAASGFTFNKYAMNVRQAPGKGLWVARIRSKNNIATYYIADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGGGTQVVTQEPISITVS FGGTVTLTGSSSTGAVTSGNYENWYQQKPGAPRGLIGGTTKFLAGTPTARFSGSLIGGKAAITLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRWVFGGTKLTVL
921	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH CDR1	aa			NFGMN
922	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH CDR2	aa			WINTYTGESYADDFKG

[1092]

[1093]

923	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
924	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
925	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL CDR2	aa	YTSRLHS
926	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL CDR3	aa	QHFTLPWT
927	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKRASGVTFTNEGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSSGGGGSGGGSGGG FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSS
928	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	VL	aa	DIQMTQTSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLOPEDIAITYCQHFTLPWTFGQGTKEIK
929	BCMA-93	BC C6-98- C8-G9	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKRASGVTFTNEGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQTSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLOPEDIAITYCQHFTLPWTFGQGTKEIK
930	BCMA-93 HL x CD3 HL	BC C6-98- C8-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKGASVKVSKRASGVTFTNEGMNWRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINSLRAEDTAVYFCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSSGGGGSGGGSGGG GSDIQMTQTSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPGKALKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYSLTISNLOPEDIAITYCQHFTLPWTFGQGTKEIK LSCAASGFTFNKYAMWVRQAPGQGLEWVARTRSKYNNVATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVIYCYVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTTLVTVSSGGGGSGGGSGGGQTIVVTQEPSTLVS PGGTITLTGSGSTGAVTSGNYPNWPQKQAPRGLIGSTKFLAPGTPARTSGSLGKAAALTLSGV QPEDEAEYCYVLWYSNRNVFGGKLIIVL
931	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH CDR1	aa	NFGMN
932	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH CDR2	aa	WINTYTGESYADDFKG
933	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
934	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
935	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL CDR2	aa	YTSRLHS

936	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL CDR3	aa	QHFTLTLPWT	
937	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKPGASVKYCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYTCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSS	
938	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSELEQEDATYFCQHFRTLPWTFGQGTKEIK	
939	BCMA-94	BC C6-97- A6-G9	scFv	aa	QVQLVQSGSELKPKPGASVKYCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYTCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGSGGGSGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSELEQEDATYFCQHFRTLPWTFGQGTKEIK	
940	BCMA-94 HL x CD3 HL	BC C6-97- A6-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELKPKPGASVKYCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSLDTSVTTAYLQINSLKDEDTAVYTCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSSGGSGGGSGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSELEQEDATYFCQHFRTLPWTFGQGTKEIKSGGGGSEVQLIVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTENKYAMNWRQAPGKGLGWVARIRSKYNNIATYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN NLKTEDTAVYICVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLLTVSSGGSGGGSGGGGGGQTVTVTQEPPLTIVS PGTIVTLTSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAEPLIGGTFKLPAGTTPARFSGSLGKAAITLSGV QPEDEAEYCYVIMYSNRWVFGGTKLTVL	
941	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH CDR1	aa	NFGMN	
942	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH CDR2	aa	WINTYTGESYADDFKG	
943	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH CDR3	aa	GGVYGSYDAMDY	
944	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN	
945	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
946	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL CDR3	aa	QHFTLTLPWT	
947	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VH	aa	QVQLVQSGSELKPKPGASVKYCKASGYTFNFGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTYTGESYADDFKGR FVFSSTSVSVTAYLQINNKAEDTAVYTCARGGVGGYDAMDYWGQGTLLTVSS	
948	BCMA-95	BC C6-98- A1-G9	VL	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQDISNYLNWYQKPKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGS	

[1094]



949	BCMA-95	BC C6 98- A1-G9	scFv	aa	GTDTFTTISNLQPEDIAITYCQHFRTLPWTFGQGTKEIK QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGMINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPFSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLRHSVPSPRFGSGS GSGTDYFTTISNLQPEDIAITYCQHFRTLPWTFGQGTKEIK
950	BCMA-95 HL x CD3 HL	BC C6 98- A1-G9 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGMINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPFSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLRHSVPSPRFGSGS GSGTDYFTTISNLQPEDIAITYCQHFRTLPWTFGQGTKEIK LSCAASGTFNRYAMWVRQAPGGGLEWNGMINTYTGESIYADDFKGR NLKTEDTAVIYCVRHGNGFNISYISWAYWGQGTTLVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGTQVTFEPLTIVS PGTDTLFCGSGSTGAVTSGNYPNWVQKPGQAPRGLIGTKELAPGTPARFSGSLGGKAALTLSGV QPEDEAEYCYCLWYSNRWVFGGKTLIVL
951	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH CDR1	aa	NFGMN
952	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH CDR2	aa	WINTYTGESIYADDFKG
953	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH CDR3	aa	GGVYGGYDAMDY
954	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN
955	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL CDR2	aa	YTSRLHS
956	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT
957	BCMA-96	BC C6 98- A1	VH	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGMINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSS
958	BCMA-96	BC C6 98- A1	VL	aa	DIQMTQSPFSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLRHSVPSPRFGSGGS GTDTFTTISNLQPEDIAITYCQGGNTLPWTFGQGTKEIK
959	BCMA-96	BC C6 98- A1	scFv	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGMINTYTGESIYADDFKGR FVFSDDTSVSTAYLQINNLKAEITAVYCARGGVYGGYDAMDYWGQGTTLVTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPFSSLSASVGDRTTISCRASQDISNYLNWYQOKPGKAPKLLIYITSLRHSVPSPRFGSGS GSGTDYFTTISNLQPEDIAITYCQGGNTLPWTFGQGTKEIK
960	BCMA-96 HL x	BC C6 98- A1	bispecific	aa	QVQLVQSGSELEKPKGASVKISCRASGYTFITFGMNWVRQAPGGGLEWNGMINTYTGESIYADDFKGR

[1095]



	CD3 HL	A1 HL x CD3 HL	molecule	
				FVSSPTSYSTAYLIQINNLRKEDTAVYYCARGGVGGYDAMDYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGRVTISCRASQDINSYLNWYQQKPGKAPKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGS GGSDYTFETISNLPQEDLATYYCQOGNTLPWTFGGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPFGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYIQMN NLKTEDTAVYYCYRHGNGFNYSIYWAWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG PGGTVTLTCGSGTGAVTSGNYPNWVQKPGAPRGLIGGTFKFLAPGTARFSGSLLGGKAAITLSGV QPEDEAEYYCVLWYNSNRWVFGGGTKLTVL
961	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH CDR1	aa
962	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH CDR2	aa
963	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH CDR3	aa
964	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL CDR1	aa
965	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL CDR2	aa
966	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL CDR3	aa
967	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VH	aa
968	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	VL	aa
969	BCMA-97	BC B12-33- G2-B2	scFv	aa
970	BCMA-97 HL x CD3 HL	BC B12-33- G2-B2 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa

[1096]

						QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
971	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VH CDR1	aa		NFDMA
972	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VH CDR2	aa		SLTTGGGDTYYADSVKG
973	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VH CDR3	aa		HGYDGYHLFDY
974	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VL CDR1	aa		RANQGISNNLN
975	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VL CDR2	aa		YTSNLQS
976	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VL CDR3	aa		QQFTSLPYT
977	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VH	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNASTLTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVSS
978	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	VL	aa		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRANQGISNNLNWYQQKPKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGSGS GTDYTLTISSLPQPEDFATYYCQQFTSLPYTFGQGTKLEIK
979	BCMA-98	BC B12-33-A4-B2	scFv	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNASTLTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRANQGISNNLNWYQQKPKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGSGS GSGTDYTLTISSLPQPEDFATYYCQQFTSLPYTFGQGTKLEIK
980	BCMA-98 HL x CD3 HL	BC B12-33-A4-B2 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKGR FTISRDNASTLTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGG GSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRANQGISNNLNWYQQKPKAPKPLIYYTSLNLSQGVPSRFSGSGS LSCAASGFTFNKYMNNWVRQAPGKGLVWYSSITTTGGGDTYYADSVKDRFTISRDSKNTAVLQMN NLKTEDYAVYCVRHGNGFNYSYIAYWYWGQGTLLTVSSGGGGGGGGGGGGGGGGTAVTQEPRLTVS PGGTVTLTQGSSTGAVTSGNYFNWYQQKPKAPRGLIGGTFKFLAPGTPARFSGSLIGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
981	BCMA-99	BC B12-33-A5-B2	VH CDR1	aa		NFDMA
982	BCMA-99	BC B12-33-A5-B2	VH CDR2	aa		SLTTGGGDTYYADSVKG

[1098]

983	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
984	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL CDR1	aa	RASQGISNNLN
985	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL CDR2	aa	YTSNLQS
986	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL CDR3	aa	QQFTSLPYT
987	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGSGGGSGGG
988	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	VL	aa	DIQMTQSPSSMSASVGDRVTITCRASQGISNNLNWYQQKPKAPKSLIYYTISNLSQGVPSRFSGS GTDYTLTISLQPEDFAFYCQQFTSLPYTFGGTKLEIK
989	BCMA-99	BC B12-33- A5-B2	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSMSASVGDRVTITCRASQGISNNLNWYQQKPKAPKSLIYYTISNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFAFYCQQFTSLPYTFGGTKLEIK
990	BCMA-99 HL x CD3 HL	BC B12-33- A5-B2 HL x CD3 HL	bispecific molecule	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNFDMAWVRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGR FTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGSGGGSGGG GSDIQMTQSPSSMSASVGDRVTITCRASQGISNNLNWYQQKPKAPKSLIYYTISNLSQGVPSRFSGS GSGTDYTLTISLQPEDFAFYCQQFTSLPYTFGGTKLEIK LSCAASGFTFNKYAMNWRQAPGKGLVWVSSITGGDTYYADSVKGRFTISRDNAKNTLYLQMDSLRSEDYAVYCVRHGYDGYHLFDYWGQGTIVTVSSGGSGGGSGGG NLKTEDTAVYCVRHGNGFNSYISYWAYWGQGTIVTVSSGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGG PGGTIVLTGSGSTGAVTSGNYFNWVQQKPGQAPRGLIGGTFTLAPGTAPARTFSGSLIGKRAALTLSGV QPEDEAEYICVLWYSNRNVFGGTKLTVL
991	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH CDR1	aa	NFDMA
992	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH CDR2	aa	SLTTGGGDTYYADSVK
993	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
994	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VL CDR1	aa	RASQGISNNLN
995	BCMA-100	BC B12-33- A5-C10	VL CDR2	aa	YTSNLQS

[illegible]



$[1100]$

1004	mouse BCMA	murine	aa	MAQQCFHSEYFDSLHACKPCHLRCSNPATQCPYCDPSVTSVVKGYTVLVLIIFGLJLVLSLALFT ISFLIRKMNPEALKDEPQSFCQLDGSAQILDRADTELTRTRAGDDRIIPRSLEYTVVEECTCEDCVKSK PKGSDHFEFLPAWEEGATILVTTKTGDYGKSSVPTALQSVMGMEKPTHTR atgttgacagatgctggcagtgctcccaaaatgaatatgttgacagatgttgcatgattgcaaaac ctgttcaacttcagatgtctagtaactctctcaactctctcaactgttatggcagcttatggcagaagtatgac caattcagtgaaaggaatgaatgcgattctctggacctgttgggacctgagcttgataattctcttg gcagtttgcgtcaacgtttttgtaaggaagatgagcttgaacctcaaaagatgagtttaaaa acacaggtacagctctctggcagctgctcaactgaacttgcaatggaaagcgagactggtgatgaat tgtttccaagaggcctggagtacacggtggaagaatcacactgtgaagactgcatacaagataaaa ccaaagttgattctgaccattgcttccactcccgacatgaggaaggcgcaacctctctctca ccacgaaacagatgactattgcaatagcctgtcagctgcttttgagtggttaacggagatagagaaatc aatctctgctaggtaa
1005	macaque BCMA	rhesus	na	atgttgacagatgctggcagtgctcccaaaatgaatatgttgacagatgttgcatgattgcaaaac ctgttcaacttcagatgtctagtaactctctcaactctctcaactgttatggcagcttatggcagaagtatgac caattcagtgaaaggaatgaatgcgattctctggacctgttgggacctgagcttgataattctcttg gcagtttgcgtcaacgtttttgtaaggaagatgagcttgaacctcaaaagatgagtttaaaa acacaggtacagctctctggcagctgctcaactgaacttgcaatggaaagcgagactggtgatgaat tgtttccaagaggcctggagtacacggtggaagaatcacactgtgaagactgcatacaagataaaa ccaaagttgattctgaccattgcttccactcccgacatgaggaaggcgcaacctctctctca ccacgaaacagatgactattgcaatagcctgtcagctgcttttgagtggttaacggagatagagaaatc aatctctgctaggtaa
1006	macaque BCMA	rhesus	aa	MLQMARQCSQNEYFDSLHDKPCQLRCSSTPELTCQRYCNASMTNSVKNNAILLWTCLGLSLLIIL AVFVLITFLIRKMSSEFLKDFKNTGSGLLGMANIIEKRTGDEIIVLPRLGLETVVEECTCEDOIKNK PKVDSDHCFELPAWEEGATILVTTKTNDYCNLSLAALSVEIEKSIAR
1007	hu BCMA ECD = positions 1-54 of SEQ ID NO: 1002	human	aa	MLQMARQCSQNEYFDSLHACIIPQLRCSSTPELTCQRYCNASVTSVSKGTNA
1008	mu BCMA ECD = positions 1-49 of SEQ ID NO: 1004	murine	aa	MAQQCFHSEYFDSLHACKPCHLRCSNPATQCPYCDPSVTSVVKGYT
1009	hu BCMA ECD / E1 murine	chimeric hu / mu	aa	MAQQCSQNEYFDSLHACIIPQLRCSSTPELTCQRYCNASVTSVSKGTNA
1010	hu BCMA ECD / E2 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMARQCFHSEYFDSLHACIIPQLRCSSTPELTCQRYCNASVTSVSKGTNA
1011	hu BCMA ECD / E3 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMARQCSQNEYFDSLHACIIPCHLRCSNPATQCPYCNASVTSVSKGTNA
1012	hu BCMA ECD / E4 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMARQCSQNEYFDSLHACIIPQLRCSSTPELTCQRYCDPSVTSVVKGYT



1013	hu BCMA ECD / E5 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMAQCQSQNEYFDLSLLHACKPQQLRCSSNTPEPLTCQRYCNASVTNSVKGTNA
1014	hu BCMA ECD / E6 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMAQCQSQNEYFDLSLLHACIPCHLRCSSTPEPLTCQRYCNASVTNSVKGTNA
1015	hu BCMA ECD / E7 murine	chimeric hu / mu	aa	MLQMAQCQSQNEYFDLSLLHACIPQQLRCSSNTPEPLTCQPYCNASVTNSVKGTNA
1016	hu BCMA epitope cluster 3	human	aa	QQLRCSSNTPEPLTCQRYC
1017	mac BCMA epitope cluster 3	macaque	aa	QQLRCSSNTPEPLTCQRYC
1018	hu BCMA epitope cluster 1	human	aa	MLQMAQ
1019	hu BCMA epitope cluster 4	human	aa	NASVTNSVKGTNA
1020	mac BCMA epitope cluster 1	macaque	aa	MLQMARQ
1021	mac BCMA epitope cluster 4	macaque	aa	NASMTNSVRGMNA
1022	BCMA-101 BC 5G9	VH CDR1	aa	GETFSNYDMA
1023	BCMA-101 BC 5G9	VH CDR2	aa	SIITSGGDNYYRDSVKG
1024	BCMA-101 BC 5G9	VH CDR3	aa	HDYYDGSYGfAY
1025	BCMA-101 BC 5G9	VL CDR1	aa	KASQSVGINVD
1026	BCMA-101 BC 5G9	VL CDR2	aa	GASNRHT
1027	BCMA-101 BC 5G9	VL CDR3	aa	LQYGSIPFT
1028	BCMA-101 BC 5G9	VH	aa	EVQLVESGGGLVQPGRSRLKLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPTKEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTVSRDRAKSTLYLQMDSLRSEDATYYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTVTVSS
1029	BCMA-101 BC 5G9	VL	aa	ETVMTQSPSTMSISIGERVTLNCKASQSVGINVDYQQTPGQSPKLLIYGASNRHTGVPRFTGSGF GRDFTLTISNVEAEADLAIVYCLQYGSIPFTFGSGTKLEK
1030	BCMA-101 BC 5G9	scFv	aa	EVQLVESGGGLVQPGRSRLKLSCAASGFTFSNYDMAWVRQAPTKEWVASIITSGGDNYYRDSVKGR FTVSRDRAKSTLYLQMDSLRSEDATYYCVRHDIYDGSYGfAYWGQGLTVTVSSGGGGGGGGGG GGSETVMTQSPSTMSISIGERVTLNCKASQSVGINVDYQQTPGQSPKLLIYGASNRHTGVPRFTG SGFGRDFTLTISNVEAEADLAIVYCLQYGSIPFTFGSGTKLEK

[110]

1031	BCMA-102	BC 244-A7	VH CDR1	aa	GYTFNHHIH	
1032	BCMA-102	BC 244-A7	VH CDR2	aa	YINPYNDDEYNEKFKG	
1033	BCMA-102	BC 244-A7	VH CDR3	aa	DGYRDMVMDY	
1034	BCMA-102	BC 244-A7	VL CDR1	aa	RASQDISNYLN	
1035	BCMA-102	BC 244-A7	VL CDR2	aa	YTSRLHS	
1036	BCMA-102	BC 244-A7	VL CDR3	aa	QQGNTLPWT	
1037	BCMA-102	BC 244-A7	VH	aa	EVQLVEQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFTHNHIHWVKQKPGGLEWIGYINPYNDDEYNEKFKG KATLTSDKSSITAYMELSSITSEDSAVYICARDGYIRDMVMDYWGQGTITVTVSS	
1038	BCMA-102	BC 244-A7	VL	aa	ELVMTQTFSSLSASLGDRVTISCRASQDISNYLNWYQQKPDGTGKLLIYTSRLHSGVPSRFSGSGS GTDYSLTISNLEQEDYATYFCQQGNTLPWTFGGGKLEIK	
1039	BCMA-102	BC 244-A7	scFv	aa	EVQLVEQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFTHNHIHWVKQKPGGLEWIGYINPYNDDEYNEKFKG KATLTSDKSSITAYMELSSITSEDSAVYICARDGYIRDMVMDYWGQGTITVTVSSGGGGGGGGGG GGSELVMTQTFSSLSASLGDRVTISCRASQDISNYLNWYQQKPDGTGKLLIYTSRLHSGVPSRFSG SGSGTDYSLTISNLEQEDYATYFCQQGNTLPWTFGGGKLEIK	
1040	BCMA-103	BC 263-A4	VH CDR1	aa	GFTFSNYDMA	
1041	BCMA-103	BC 263-A4	VH CDR2	aa	SISTRGDITSYRDSVRG	
1042	BCMA-103	BC 263-A4	VH CDR3	aa	QDYTYDYGFAV	
1043	BCMA-103	BC 263-A4	VL CDR1	aa	RASEDIYNGLA	
1044	BCMA-103	BC 263-A4	VL CDR2	aa	GASSLQD	
1045	BCMA-103	BC 263-A4	VL CDR3	aa	QQSYKYPLT	
1046	BCMA-103	BC 263-A4	VH	aa	EVQLVEESGGGLIQPGSKLSLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPTKGLEWVASISTRGDITSYRDSVRG RFTISRDRNKSTLYLQMDSLRSEDTATYICARDYTYDYGFAVWGQGTITVTVSS	
1047	BCMA-103	BC 263-A4	VL	aa	ELVMTQSPASLSASLGSETVTIECRASEDIYNGLAWYQQKPGKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFSGSGS GTQVSLKTSIMQWQPEDEANYFCQQSYKYPLTFGGGKLEIK	

[1102]

1048	BCMA-103	BC 263-A4	scFv	aa	EVQLVEESGGGLVQPGKSLKLSCAASGFTFSNYDMAVVRQAPTGLWVVASLSTRGDTITSYRDSVKGRFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAVWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGG GELVMTQSPASLSASIGETVTIEGRASEDIYNGLAWYQRPKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFRSGSG SGTQYSLKLSGMQPEDEANVFCQQSYKYPLTEGSGTKLELKG
1049	BCMA-104	BC 271-C3	VH CDR1	aa	GTFSNFDMA
1050	BCMA-104	BC 271-C3	VH CDR2	aa	SITGGGGDTYYRDSVKG
1051	BCMA-104	BC 271-C3	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
1052	BCMA-104	BC 271-C3	VL CDR1	aa	RASQGISNYL
1053	BCMA-104	BC 271-C3	VL CDR2	aa	YTSNLQS
1054	BCMA-104	BC 271-C3	VL CDR3	aa	QQYDISSYT
1055	BCMA-104	BC 271-C3	VH	aa	EVQLVEESGGGLVQPGKSLKLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPTGLWVVASITTTGGGDTYYRDSVKGRFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAVWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGG GELVMTQSPASLSASIGETVTIEGRASEDIYNGLAWYQRPKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFRSGSG SGTQYSLKLSGMQPEDEANVFCQQSYKYPLTEGSGTKLELKG
1056	BCMA-104	BC 271-C3	VL	aa	EVQLVEESGGGLVQPGKSLKLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPTGLWVVASITTTGGGDTYYRDSVKGRFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAVWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGG GELVMTQSPASLSASIGETVTIEGRASEDIYNGLAWYQRPKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFRSGSG SGTQYSLKLSGMQPEDEANVFCQQSYKYPLTEGSGTKLELKG
1057	BCMA-104	BC 271-C3	scFv	aa	EVQLVEESGGGLVQPGKSLKLSCAASGFTFSNFDMAVVRQAPTGLWVVASITTTGGGDTYYRDSVKGRFTISRDNKAKSTLYLQMDSLRSEDATATYCAQDQYTDYMGFAVWGQTLVTVSSGGGGSGGGSGG GELVMTQSPASLSASIGETVTIEGRASEDIYNGLAWYQRPKSPQLLIYGASSLQDGVPSRFRSGSG SGTQYSLKLSGMQPEDEANVFCQQSYKYPLTEGSGTKLELKG
1058	BCMA-105	BC 265-E5	VH CDR1	aa	GTFSNFDMA
1059	BCMA-105	BC 265-E5	VH CDR2	aa	SITGGGGDTYYRDSVKG
1060	BCMA-105	BC 265-E5	VH CDR3	aa	HGYDGYHLFDY
1061	BCMA-105	BC 265-E5	VL CDR1	aa	RASQGISNHLN
1062	BCMA-105	BC 265-E5	VL CDR2	aa	YTSNLQS
1063	BCMA-105	BC 265-E5	VL CDR3	aa	QQYDSFPLT

[1103]



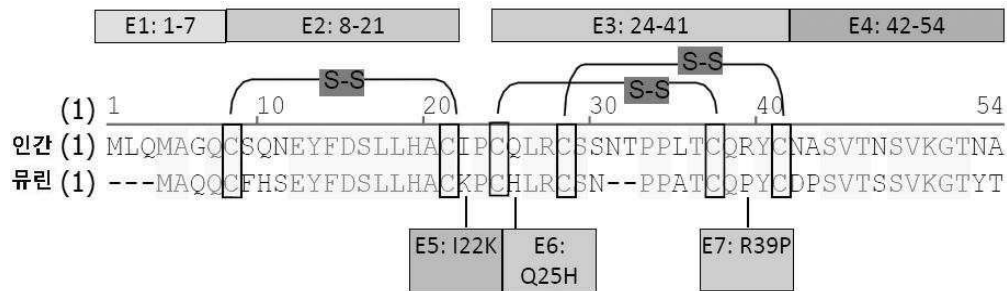
1079	BCMA-107	BC 247-A4	VL CDR1	aa	RSQSILVHNGNTYLH
1080	BCMA-107	BC 247-A4	VL CDR2	aa	KVSNRFS
1081	BCMA-107	BC 247-A4	VL CDR3	aa	SQSTHVPYT
1082	BCMA-107	BC 247-A4	VH	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS
1083	BCMA-107	BC 247-A4	VL	aa	ELVMTQTPLSLPVSLGQASISCRSSQSLVHNGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDFR SGSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQSTHVPYTFGGGTKLEIK
1084	BCMA-107	BC 247-A4	scFv	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS SELVMTQTPLSLPVSLGQASISCRSSQSLVHNGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDFR FSGSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQSTHVPYTFGGGTKLEIK
1085	BCMA-108	BC 246-B6	VH CDR1	aa	CYSFPDYIN
1086	BCMA-108	BC 246-B6	VH CDR2	aa	WIFYASGNSEYNE
1087	BCMA-108	BC 246-B6	VH CDR3	aa	LYDYDWYFDV
1088	BCMA-108	BC 246-B6	VL CDR1	aa	RSQSILVHNGNTYLH
1089	BCMA-108	BC 246-B6	VL CDR2	aa	KVSNRFS
1090	BCMA-108	BC 246-B6	VL CDR3	aa	FQGSHPVPT
1091	BCMA-108	BC 246-B6	VH	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS
1092	BCMA-108	BC 246-B6	VL	aa	ELVMTQTPLSLPVSLGQASISCRSSQSLVHNGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDFR SGSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQGSHPVPTFGGGTKLEIK
1093	BCMA-108	BC 246-B6	scFv	aa	EVQLVEQSGPQLVKPGASVKISCKVSGYSPFDYINWVKORPGGLEWIGWTFASGNSSEYNERFTG KATLVDTSSNTAYMQLSSLTSEDYAVFCASLYDYDWYFDVWGQGTFTVVS SELVMTQTPLSLPVSLGQASISCRSSQSLVHNGNTYLHWYLRPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDFR FSGSGSGADFTLKISRVEAEDLGVYFCQGSHPVPTFGGGTKLEIK

[1105]



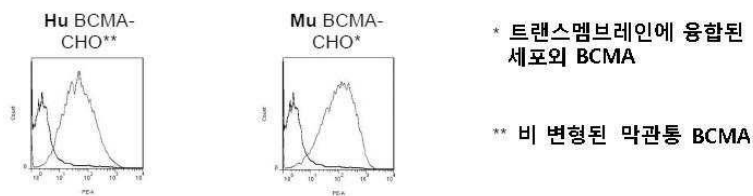
## 도면

### 도면1

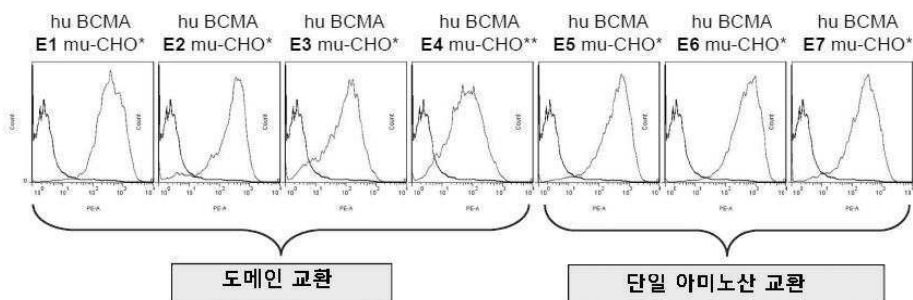


E1: N-말단 도메인  
 E2: 첫번째 이황화 결합이 나타난 도메인  
 E3: 두번째 (이중) 이황화 결합이 나타난 도메인  
 E4: C-말단 세포외 도메인  
 E5: E2/E3 사이의 점 돌연변이  
 E6+E7: E3점 돌연변이

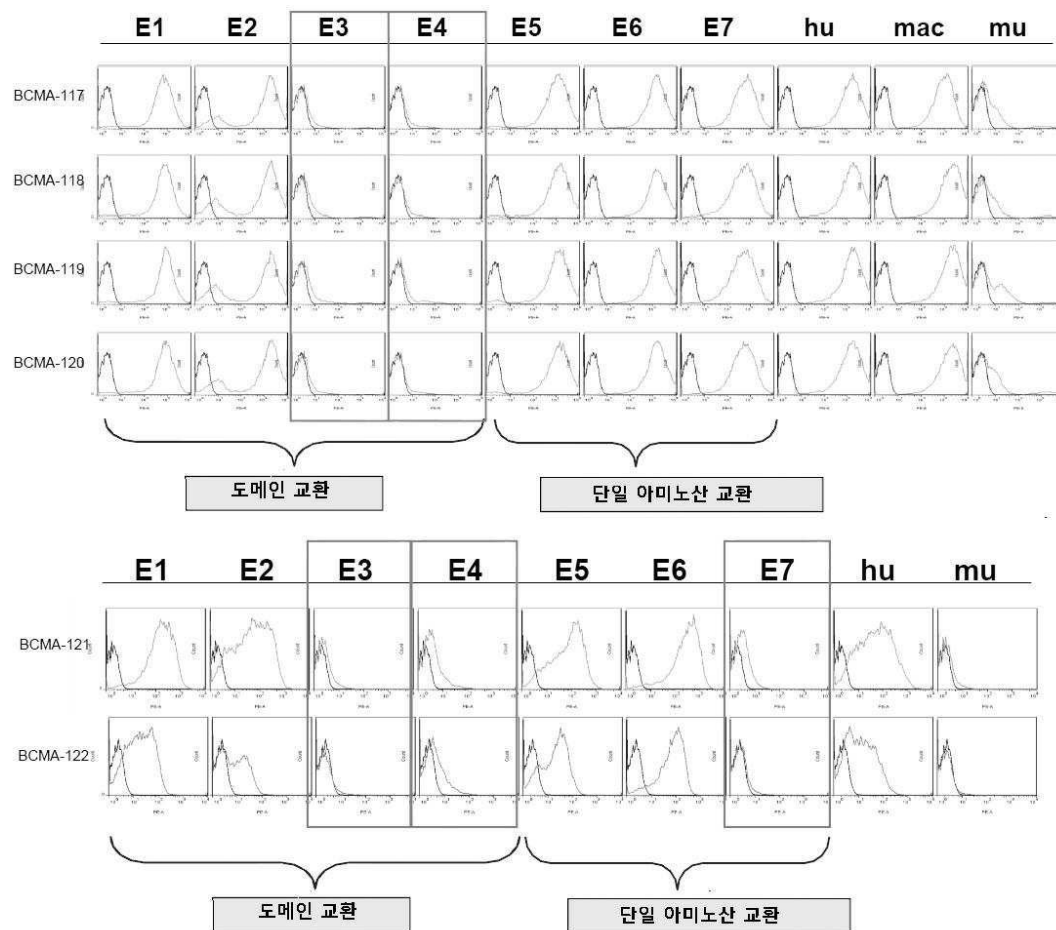
### 도면2a



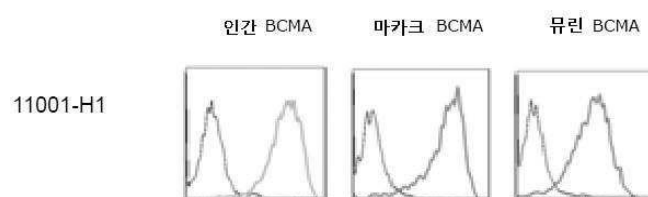
### 도면2b



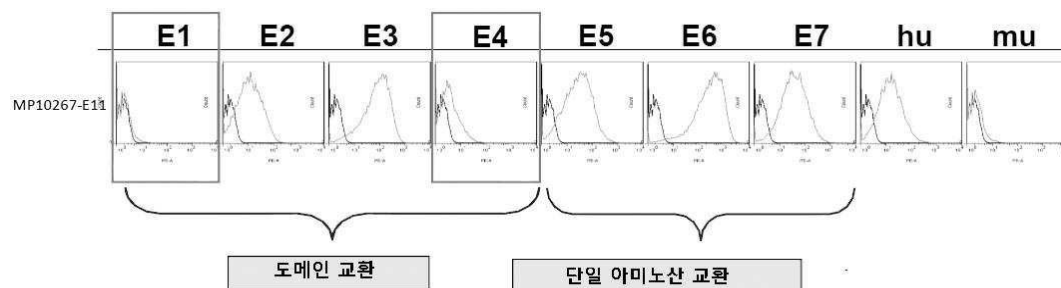
도면3a



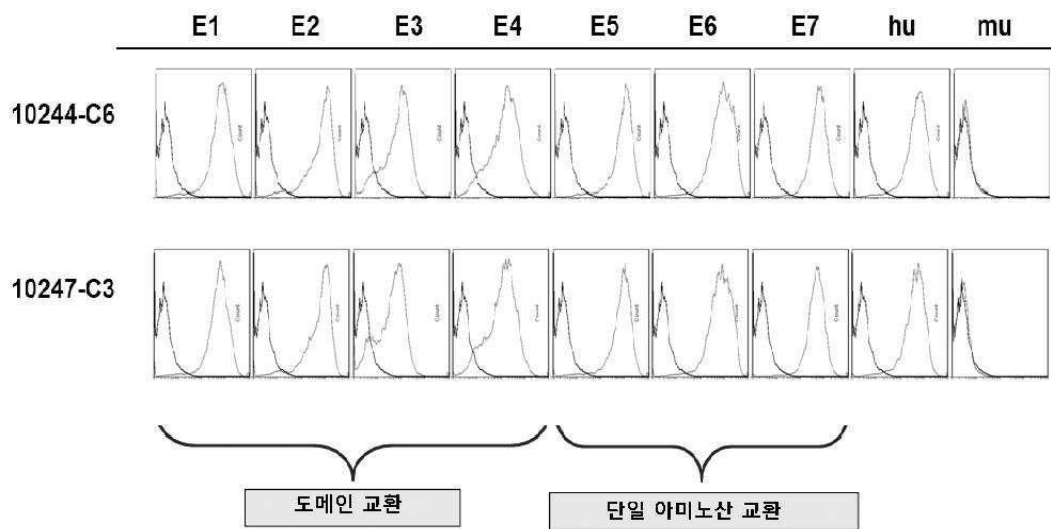
도면3b



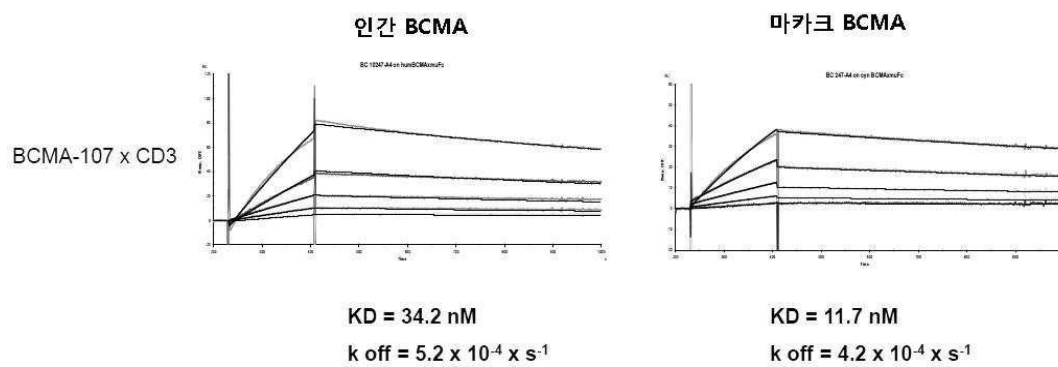
도면3c



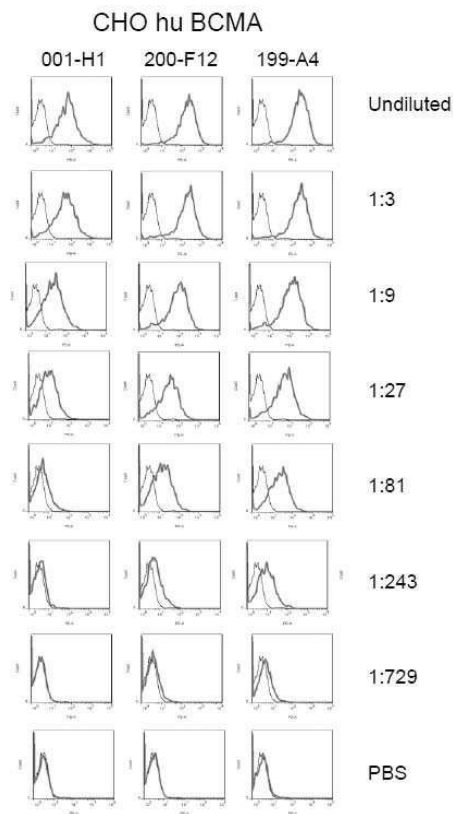
도면3d



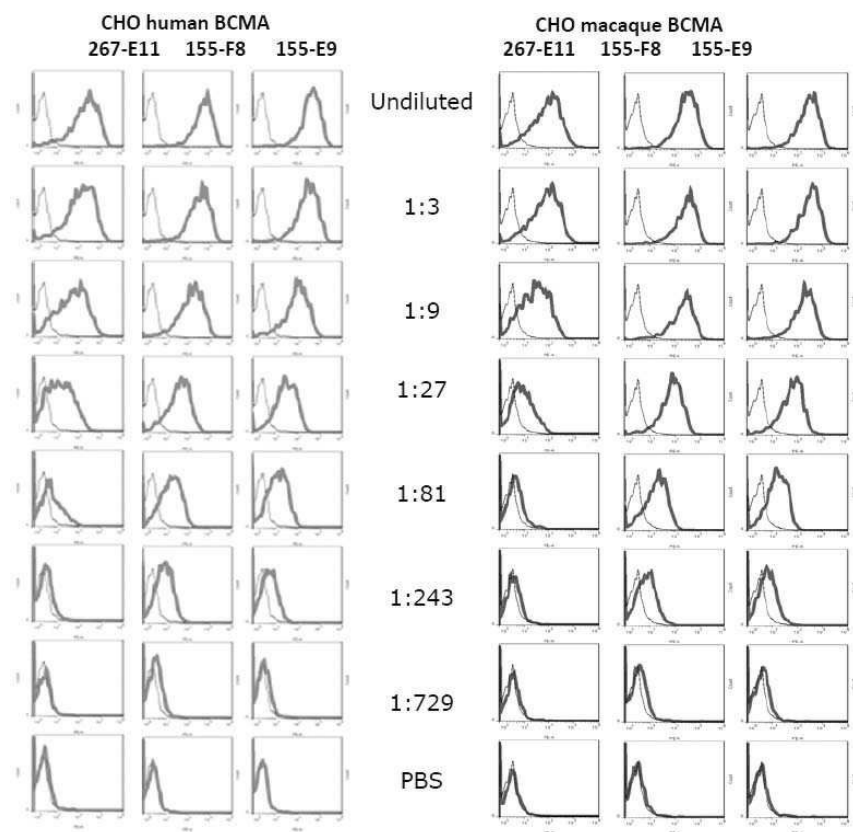
도면4a



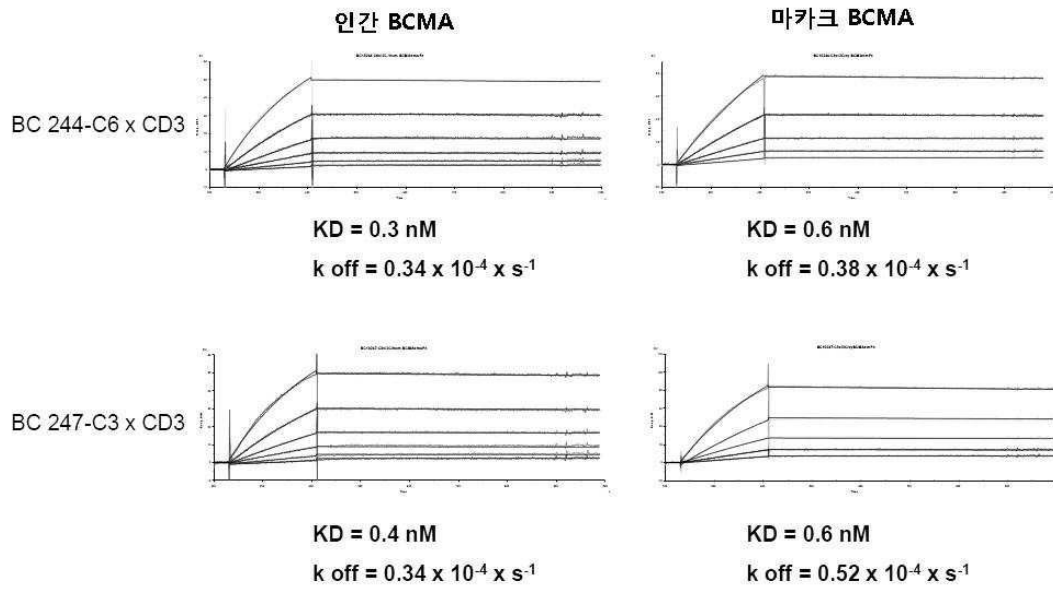
도면4b



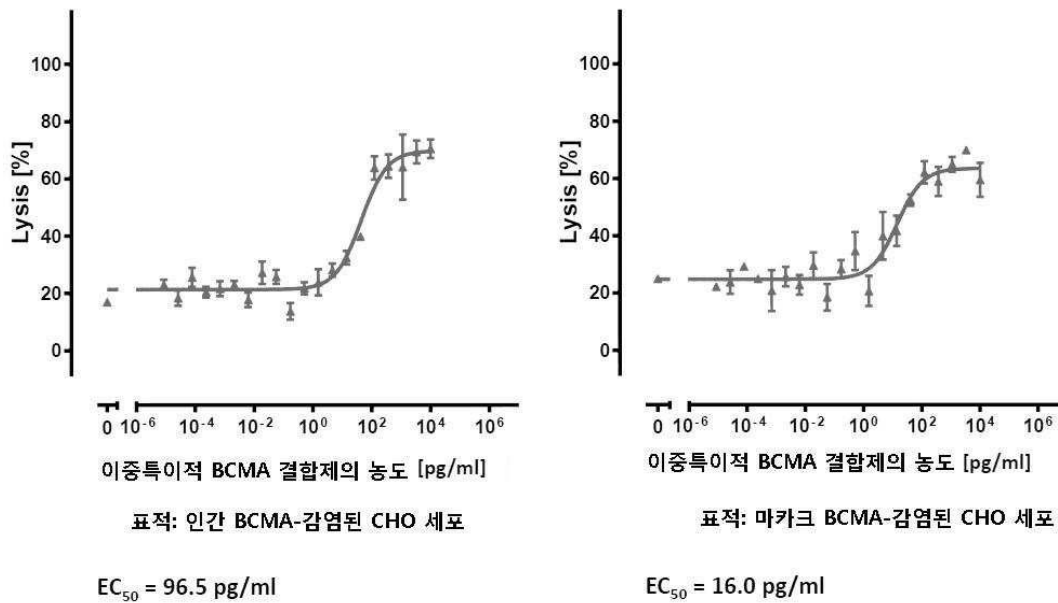
도면4c



도면4d

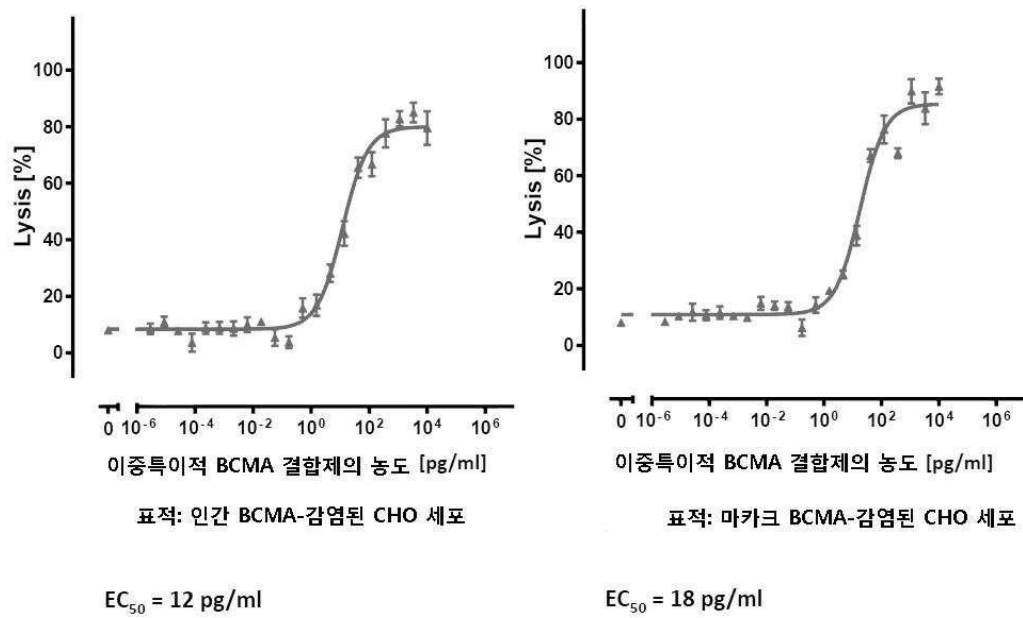


도면5a

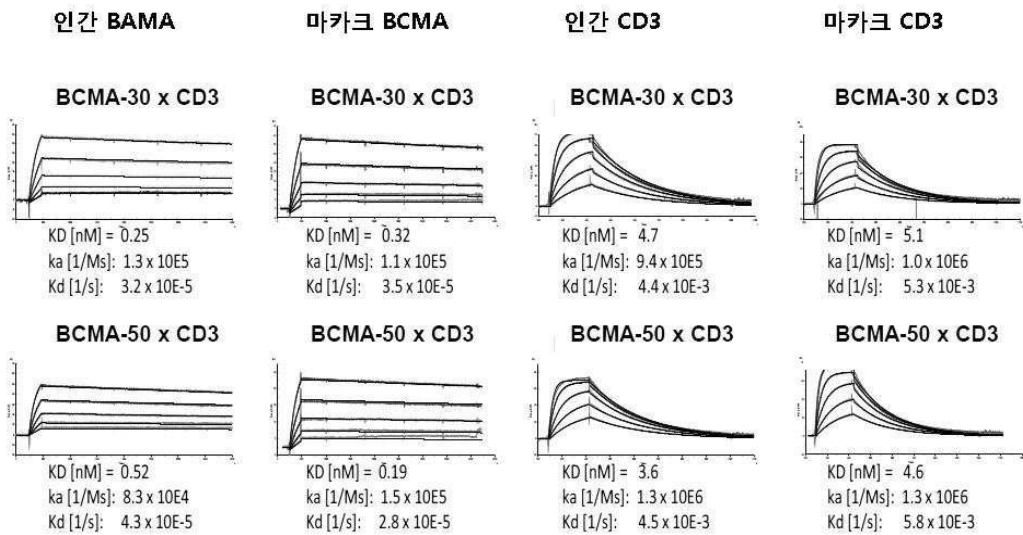




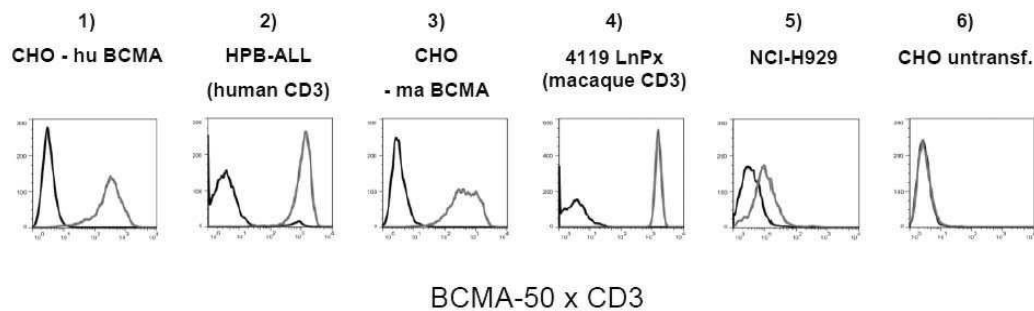
도면5d



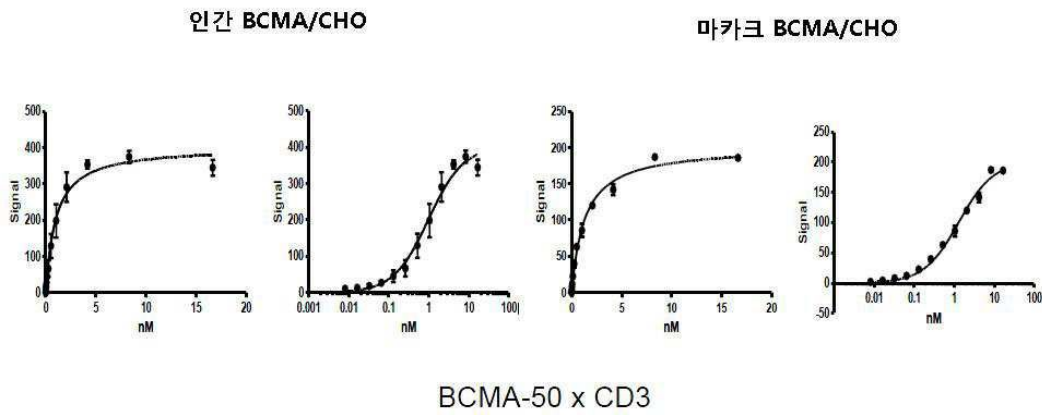
도면6a



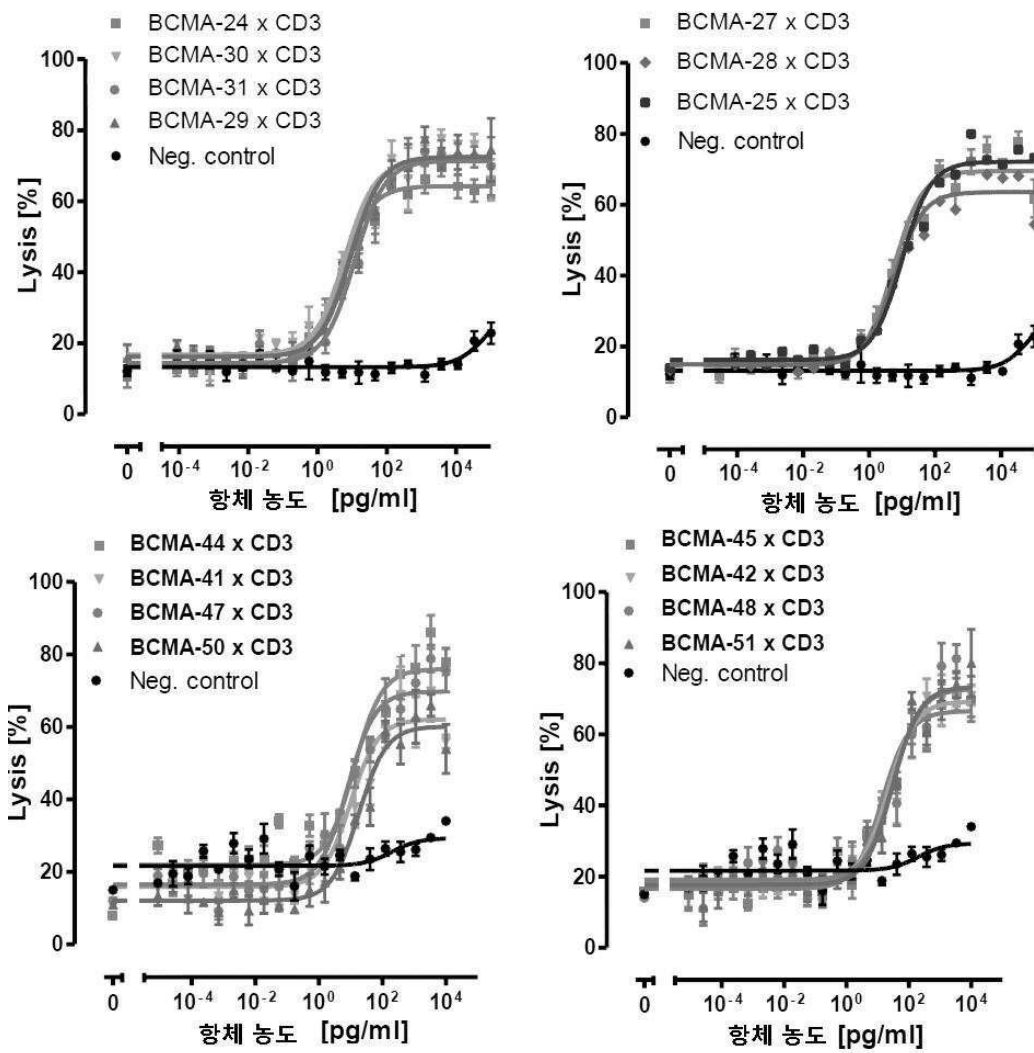
도면7a



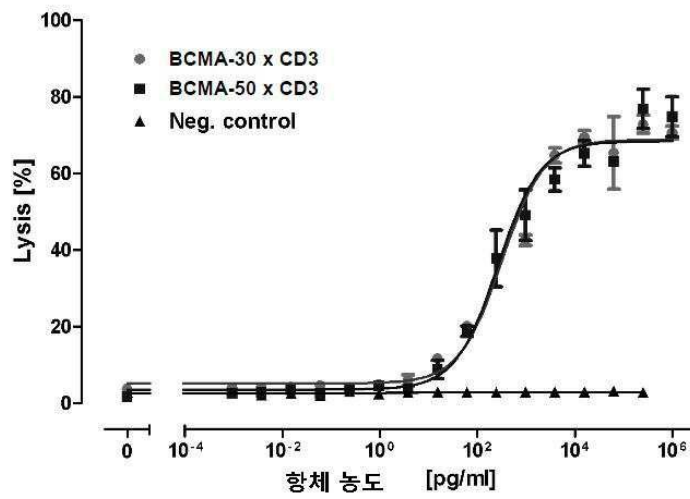
도면8a



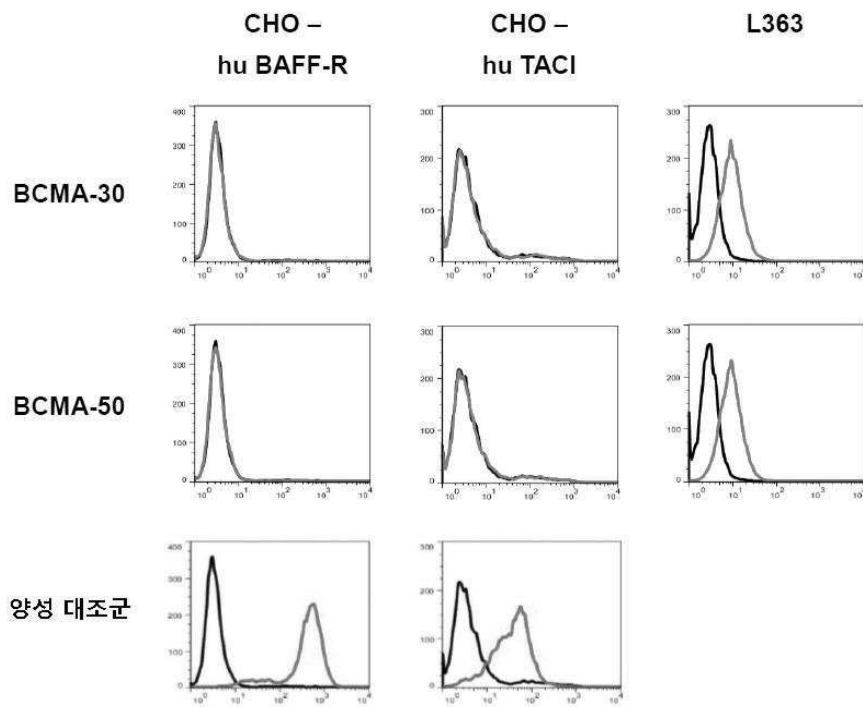
도면9a



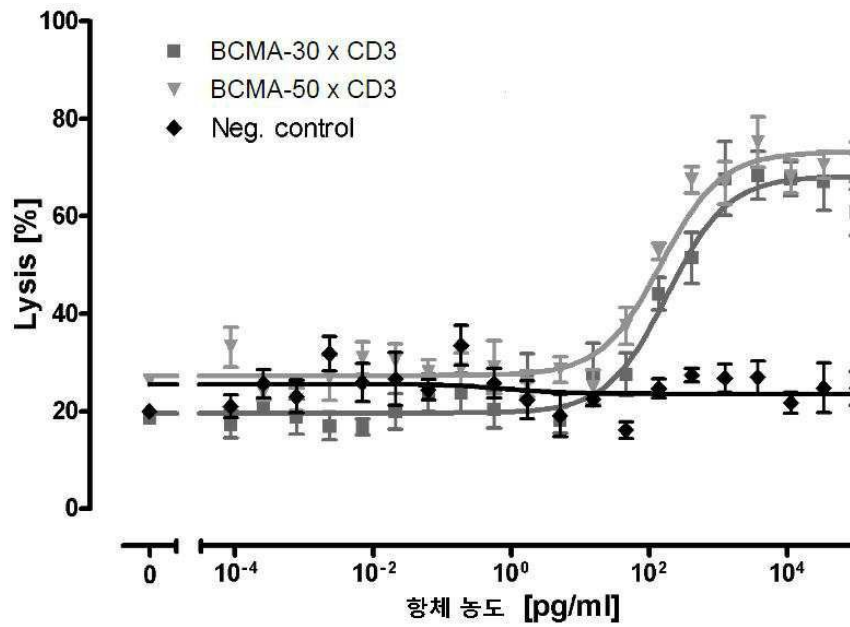
도면10a



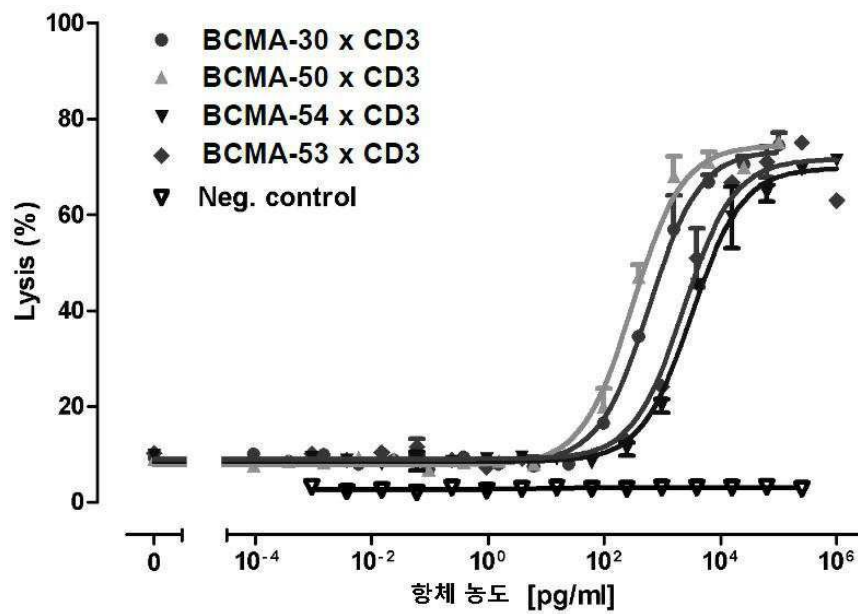
도면11a



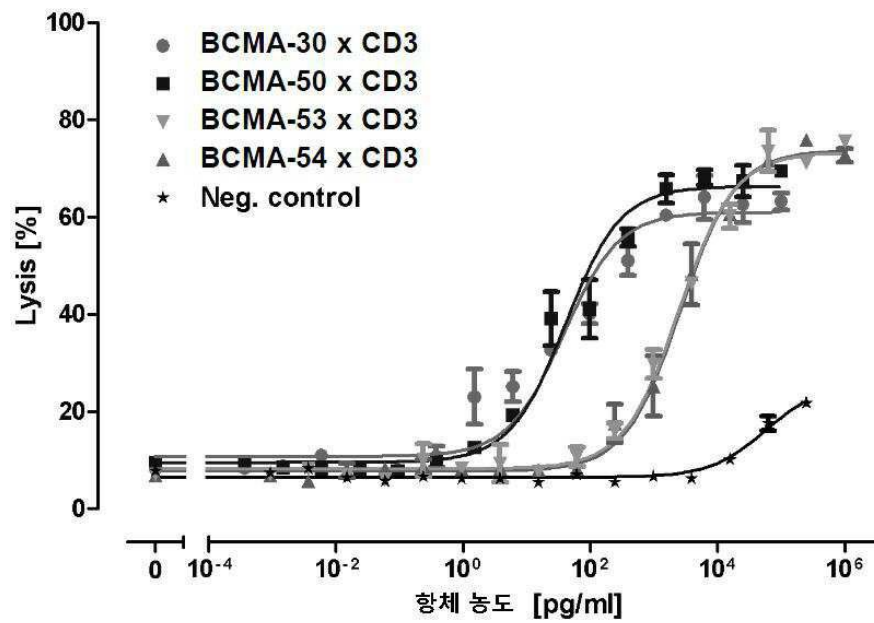
도면12a



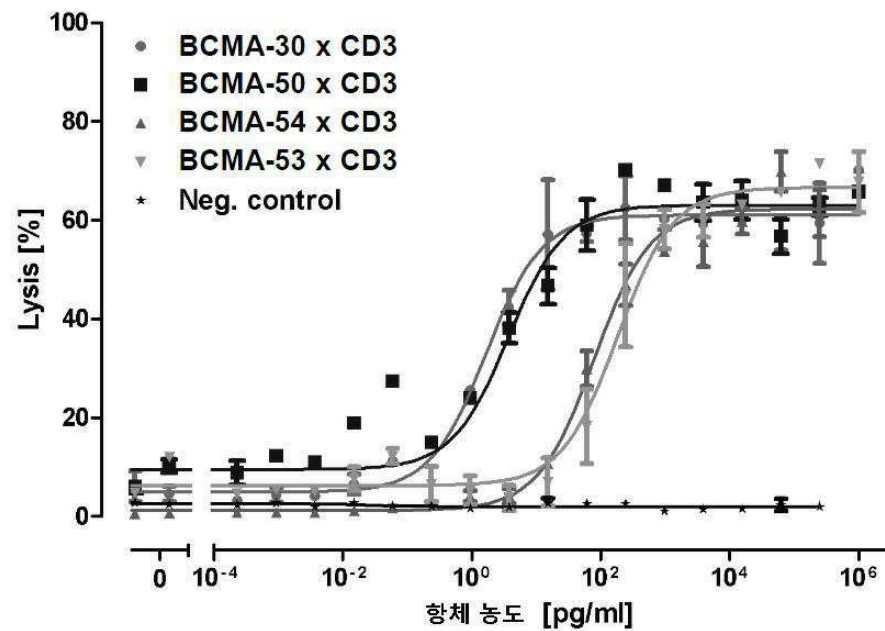
도면13a



도면14a

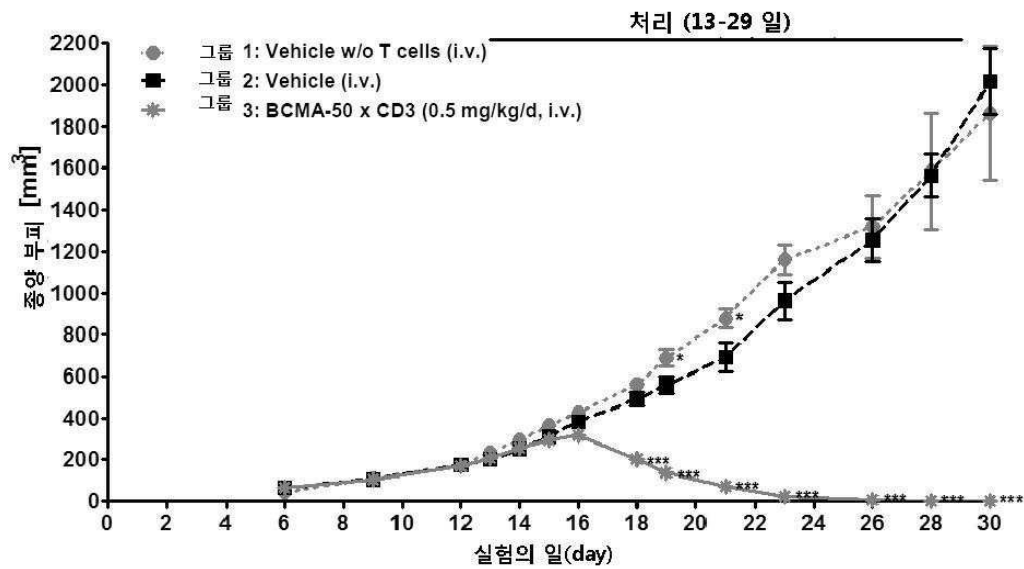


도면15a

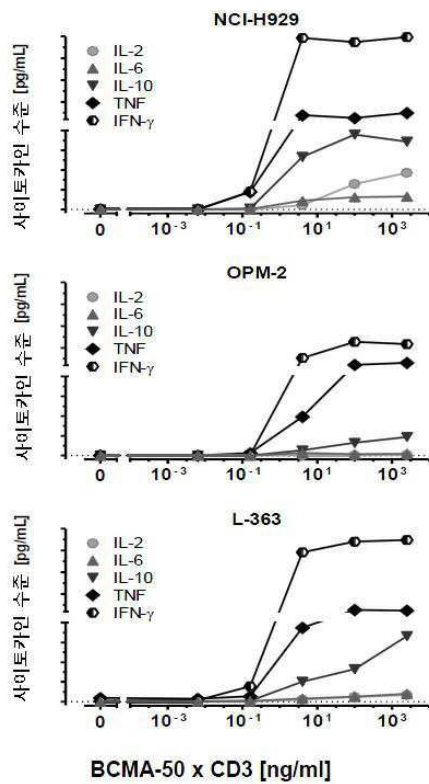




도면16a



도면17a



## 서열 목록

### SEQUENCE LISTING

<110> Amgen Research (Munich) GmbH

Boehringer Ingelheim International GmbH

<120> Binding molecules for BCMA and CD3

<130> MIM14335PCT

<140> PCT/EP2012/072730

<141> 2012-11-15

<150> US 61/560,144

<151> 2011-11-15

<150> US 61/560,149

<151> 2011-11-15

<150> US 61/560,162

<151> 2011-11-15

<150> US 61/560,178

<151> 2011-11-15

<150> US 61/560,183

<151> 2011-11-15

<150> US 61/651,486

<151> 2012-05-24

<150> US 61/651,474

<151> 2012-05-24

<160> 1093

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 1

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 2

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 2

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

1 5 10 15

Gly

<210> 3

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220

><223> VH CDR3 of BCMA-1

<400> 3

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

1 5 10

<210> 4

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 4

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 5

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 5

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 6

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 6

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 7

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-1

<400> 7

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 8

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-1

<400> 8

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105

<210> 9

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-1 scFv

<400> 9

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110



Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
145 150 155 160  
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175  
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
180 185 190  
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr  
195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220  
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Asp Ile Lys

<210> 10

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 10

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

Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr				
65					70					75					80				
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
85					90					95									
Val	Arg	His	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Ser	Tyr	Gly	Phe	Ala	Tyr	Trp	Gly				
100					105					110									
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly				
115					120					125									
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Ser	Pro				
130					135					140									
Ala	Thr	Leu	Ser	Val	Ser	Pro	Gly	Glu	Arg	Val	Thr	Leu	Ser	Cys	Lys				
145					150					155					160				
Ala	Ser	Gln	Ser	Val	Gly	Ile	Asn	Val	Asp	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro				
165					170					175									
Gly	Gln	Ala	Pro	Arg	Leu	Leu	Ile	Tyr	Gly	Ala	Ser	Asn	Arg	His	Thr				
180					185					190									
Gly	Ile	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Arg	Glu	Phe	Thr				
195					200					205									
Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Ser	Glu	Asp	Phe	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
210					215					220									
Leu	Gln	Tyr	Gly	Ser	Ile	Pro	Phe	Thr	Phe	Gly	Pro	Gly	Thr	Lys	Val				
225					230					235					240				
Asp	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser				
245					250					255									
Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala				
260					265					270									
Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Lys	Tyr	Ala	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln				
275					280					285									
Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Arg	Ile	Arg	Ser	Lys	Tyr				
290					295					300									
Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Asp	Arg	Phe	Thr				

305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                          325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                          340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
                          355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                          370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
                          405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
                          420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
                          435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
                          450                      455                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
                          485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 11

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 11

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5  
 <210> 12  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR2 of BCMA-2  
 <400> 12

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

1 5 10 15

Gly

<210> 13  
 <211> 12  
 <212> PRT

<213> artificial  
 <220><223> VH CDR3 of BCMA-2  
 <400> 13

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

1 5 10

<210> 14  
 <211> 11  
 <212> PRT

<213> artificial  
 <220><223> VL CDR1 of BCMA-2  
 <400> 14

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 15  
 <211> 7  
 <212> PRT

<213> artificial  
 <220><223> VL CDR2 of BCMA-2  
 <400> 15

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 16

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 16

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 17

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-2

<400> 17

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 18



<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-2

<400> 18

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105

<210> 19

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-2 scFv

<400> 19

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
                          100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                          115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
                          130                      135                      140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
 145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
                          165                      170                      175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
                          180                      185                      190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr  
                          195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          210                      215                      220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Asp Ile Lys

<210> 20

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 20

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1                    5                    10                    15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
                   20                    25                    30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
                   35                    40                    45  
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
                   50                    55                    60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                    70                    75                    80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   85                    90                    95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
                   100                    105                    110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                   115                    120                    125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
                   130                    135                    140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
 145                    150                    155                    160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
                   165                    170                    175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
                   180                    185                    190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr  
                   195                    200                    205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   210                    215                    220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
 225                    230                    235                    240  
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                   245                    250                    255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 21

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 21

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 22

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 22

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

1 5 10 15

Gly

<210> 23

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 23

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

1 5 10

<210> 24

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 24

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp



1 5 10

<210> 25

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 25

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 26

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 26

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 27

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-3

<400> 27

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

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

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 28

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-3

<400> 28

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

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

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

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

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

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

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

<210> 29

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-3 scFv

<400> 29

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
145 150 155 160  
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175  
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
180 185 190  
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220  
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Asp Ile Lys

<210> 30

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 30

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210                      215                      220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275                      280                      285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
  
 290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                      440                      445



Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480

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

485 490 495

Val Leu

<210> 31

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 31

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 32

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 32

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

1 5 10 15

Gly

<210> 33

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 33

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

1 5 10

<210> 34

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 34

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 35

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 35

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 36

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 36

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 37

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-4

<400> 37

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

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

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 38  
<211> 107  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> VL of BCMA-4  
<400> 38

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

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

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

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

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

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

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100

105

<210> 39

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-4 scFv

<400> 39

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35

40

45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100

105

110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165

170

175

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

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

225 230 235 240  
Asp Ile Lys

<210> 40

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 40

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140



Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
145 150 155 160  
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175  
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
180 185 190  
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220  
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
245 250 255  
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270  
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385                      390                      395                      400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
                         405                      410                      415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

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

                         485                      490                      495  
Val Leu

<210> 41

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 41

Asn Tyr Asp Met Ala

1                      5

<210> 42

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 42

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

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 43  
<211> 12  
<212> PRT

<213> artificial  
<220><223> VH CDR3 of BCMA-5

<400> 43  
His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr  
1 5 10

<210> 44  
<211> 11  
<212> PRT

<213> artificial  
<220><223> VL CDR1 of BCMA-5

<400> 44  
Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp  
1 5 10

<210> 45  
<211> 7  
<212> PRT

<213> artificial  
<220><223> VL CDR2 of BCMA-5

<400> 45  
Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
1 5

<210> 46  
<211> 9  
<212> PRT

<213> artificial  
<220><223> VL CDR3 of BCMA-5

<400> 46  
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr  
1 5

<210> 47

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-5

<400> 47

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 48

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-5

<400> 48

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe  
85 90 95

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

<210> 49

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-5 scFv

<400> 49

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

35 40 45  
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro



130 135 140  
Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys  
145 150 155 160  
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
165 170 175  
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
180 185 190  
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220  
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
225 230 235 240  
Asp Ile Lys

<210> 50

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 50

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

35 40 45  
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 51

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 51

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 52

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 52

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

1 5 10 15

Gly

<210> 53

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 53

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

1 5 10

<210> 54

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 54

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 55

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 55

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 56

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 56

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 57

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-6

<400> 57

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 58

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial



<220><223> VL of BCMA-6

<400> 58

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105

<210> 59

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-6 scFv

<400> 59

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Asp Ile Lys

<210> 60

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 60

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

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

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

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

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

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

485                      490                      495  
Val Leu

<210> 61

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 61

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 62

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 62

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

1 5 10 15

Gly

<210> 63

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 63

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

1 5 10

<210> 64

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 64

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 65

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 65

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 66

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 66

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 67

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-7

<400> 67

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95



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

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 68

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-7

<400> 68

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

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

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

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

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

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

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

<210> 69

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-7 scFv

<400> 69

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20                                      25                                      30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
 35                                      40                                      45  
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Ala Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
 50                                      55                                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                                      70                                      75                                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85                                      90                                      95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
 100                                      105                                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115                                      120                                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130                                      135                                      140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys  
 145                                      150                                      155                                      160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
 165                                      170                                      175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
 180                                      185                                      190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195                                      200                                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210                                      215                                      220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
 225                                      230                                      235                                      240  
 Asp Ile Lys

<210> 70

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 70

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

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

                         485                      490                      495  
Val Leu

<210> 71

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 71

Asn Tyr Asp Met Ala

1                      5

<210> 72

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 72

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

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 73

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 73

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

1                      5                      10

<210> 74

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 74

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 75

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 75

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 76

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

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

<400> 76

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 77

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-8

<400> 77

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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



35 40 45  
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Asp Met Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

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

<210> 78

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-8

<400> 78

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

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe  
85 90 95

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

<210> 79

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-8 scFv

<400> 79

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

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

225 230 235 240  
Asp Ile Lys

<210> 80

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-8 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 80

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

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

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

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

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

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

485 490 495  
Val Leu

<210> 81

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-9

<400> 81

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 82

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-9

<400> 82

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 83

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-9

<400> 83

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 84

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-9

<400> 84

Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 85

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-9

<400> 85

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 86

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-9

<400> 86

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 87

<211> 121

<212> PRT



<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-9

<400> 87

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 88

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-9

<400> 88

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50                                      55                                      60  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
 65                                      70                                      75                                      80  
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly  
                                     85                                      90                                      95  
  
 Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
                                     100                                      105                                      110  
 <210> 89  
 <211> 248  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-9 scFv  
 <400> 89  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1                                      5                                      10                                      15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
                                     20                                      25                                      30  
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile  
  
                                     35                                      40                                      45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
                                     50                                      55                                      60  
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65                                      70                                      75                                      80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                                     85                                      90                                      95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
  
                                     100                                      105                                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                                     115                                      120                                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
                                     130                                      135                                      140  
 Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

                    165                      170                      175  
Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

                    180                      185                      190  
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

                    195                      200                      205  
Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

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

225                      230                      235                      240  
Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 90

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-9 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 90

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

1                      5                      10                      15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20                      25                      30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35                      40                      45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50                      55                      60

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

65                      70                      75                      80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg  
 145 150 155 160  
  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
 165 170 175  
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
 180 185 190  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195 200 205  
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val  
 210 215 220  
  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 245 250 255  
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 260 265 270  
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
 275 280 285  
  
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 290 295 300  
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 305 310 315 320  
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 325 330 335  
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

				340				345				350				
Val	Arg	His	Gly	Asn	Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Ile	Ser	Tyr	Trp	Ala	Tyr	
355				360				365								
Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	
370				375				380								
Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Val	Val	Thr	Gln	
385				390				395				400				
Glu	Pro	Ser	Leu	Thr	Val	Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	
				405				410				415				
Gly	Ser	Ser	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Trp	Val	
420				425				430								
Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Lys	
435				440				445								
Phe	Leu	Ala	Pro	Gly	Thr	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	
450				455				460								
Gly	Lys	Ala	Ala	Leu	Thr	Leu	Ser	Gly	Val	Gln	Pro	Glu	Asp	Glu	Ala	
465				470				475				480				
Glu	Tyr	Tyr	Cys	Val	Leu	Trp	Tyr	Ser	Asn	Arg	Trp	Val	Phe	Gly	Gly	
485				490				495								
Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu										
500																

<210> 91

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-10

<400> 91

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 92

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-10

<400> 92

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 93

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-10

<400> 93

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 94

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-10

<400> 94

Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 95

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><

223> VL CDR2 of BCMA-10

<400> 95

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 96

<211> 9



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-10

<400> 96

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 97

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-10

<400> 97

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 98

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-10

<400> 98

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 99

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-10 scFv

<400> 99

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100

105

110

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

115

120

125

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

130

135

140

Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg

145

150

155

160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165

170

175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180

185

190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195

200

205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210

215

220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly

225

230

235

240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 100

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-10 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 100

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

1

5

10

15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20

25

30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
 165 170 175  
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
 180 185 190  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195 200 205  
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val  
 210 215 220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 245 250 255  
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 260 265 270  
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

275 280 285  
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 290 295 300  
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 305 310 315 320  
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 325 330 335  
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

340 345 350  
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
 355 360 365  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
 385 390 395 400  
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys

405 410 415  
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
 420 425 430  
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
 435 440 445  
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
 450 455 460  
 Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465 470 475 480  
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
 485 490 495  
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 101

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-11

<400> 101

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 102

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-11

<400> 102

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 103

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-11

<400> 103

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 104

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-11

<400> 104

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 105

<211> 7



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-11

<400> 105

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 106

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-11

<400> 106

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 107

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-11

<400> 107

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120  
 <210> 108  
 <211> 112  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VL of BCMA-11  
 <400> 108  
 Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly  
 1 5 10 15  
  
 Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser  
 20 25 30  
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro  
 35 40 45  
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
 50 55 60  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
 65 70 75 80  
  
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly  
 85 90 95  
 Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110  
 <210> 109  
 <211> 248  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-11 scFv  
 <400> 109  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30  
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
 165 170 175  
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
 180 185 190  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195 200 205  
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val  
 210 215 220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245  
 <210> 110  
 <211> 503  
 <212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-11 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 110

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 245 250 255  
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 260 265 270

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
 275 280 285  
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 290 295 300  
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 305 310 315 320  
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 325 330 335

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 340 345 350  
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
 355 360 365  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
 385 390 395 400

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
 405 410 415  
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
 420 425 430  
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
 435 440 445  
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
 450 455 460

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465                      470                      475                      480  
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

                         485                      490                      495

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 111

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-12

<400> 111

Asn Tyr Trp Ile His

1                      5

<210> 112

<211> 17

<212> PRT

<

213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-12

<400> 112

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 113

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-12

<400> 113

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1                      5                      10

<210> 114

<211> 16

<212> PRT



<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-12

<400> 114

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 115

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-12

<400> 115

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 116

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-12

<400> 116

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 117

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-12

<400> 117

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50	55	60
Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr		
65	70	75
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
85	90	95
Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser		
115	120	

<210> 118

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-12

<400> 118

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser
20 25 30
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro
35 40 45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50	55	60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile		
65	70	75
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly		
85	90	95
Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys		
100	105	110

<210> 119

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-12 scFv

<400> 119

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245  
 <210> 120  
 <211> 503  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
  
 <220><223> BCMA-12 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 120  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30  
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
  
 50 55 60  
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175  
Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190  
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205  
Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220  
Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly

225 230 235 240  
Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val

245 250 255  
Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu

260 265 270  
Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

275 280 285  
Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

290 295 300  
Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

305 310 315 320  
Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

325 330 335  
Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

340 345 350  
Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

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

370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln

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

405 410 415

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

420

425

430

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

435

440

445

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

450

455

460

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465

470

475

480

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

485

490

495

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 121

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-13

<400> 121

Asn Tyr Trp Ile His

1

5

<210> 122

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-13

<400> 122

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1

5

10

15

Gly

<210> 123

<211> 12

<212> PRT



<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-13

<400> 123

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 124

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-13

<400> 124

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 125

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-13

<400> 125

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 126

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220>

><223> VL CDR3 of BCMA-13

<400> 126

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 127

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-13

<400> 127

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 128

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-13

<400> 128

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

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

100 105 110

<210> 129

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-13 scFv

<400> 129

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30  
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140

Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys  
 145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val  
210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
225 230 235 240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 130

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-13 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 130

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100	105	110	
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
115	120	125	
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro			
130	135	140	
Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys			
145	150	155	160
Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp			
165	170	175	
Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val			
180	185	190	
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser			
195	200	205	
Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val			
210	215	220	
Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly			
225	230	235	240
Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val			
245	250	255	
Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu			
260	265	270	
Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met			
275	280	285	
Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg			
290	295	300	
Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val			
305	310	315	320
Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr			
325	330	335	
Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys			
340	345	350	

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

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

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

485 490 495  
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 131

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-14

<400> 131

Asn Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 132

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial



<220><223> VH CDR2 of BCMA-14

<400> 132

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 133

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-14

<400> 133

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser

1 5 10

<210> 134

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-14

<400> 134

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 135

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<

<220><223> VL CDR2 of BCMA-14

<400> 135

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 136

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-14

<400> 136

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 137

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-14

<400> 137

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 138

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-14

<400> 138

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

Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser  
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro  
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly  
85 90 95

Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

<210> 139

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-14 scFv

<400> 139

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys

145 150 155 160  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
 165 170 175  
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
 180 185 190  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195 200 205  
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245

<210> 140

<211> 503

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-14 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 140

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Val Val Ala Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35                      40                      45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50                      55                      60  
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Thr Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Asn Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85                      90                      95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Ser Trp Gly  
 100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130                      135                      140  
  
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys  
 145                      150                      155                      160  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
 165                      170                      175  
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
 180                      185                      190  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195                      200                      205  
  
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val  
 210                      215                      220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 245                      250                      255  
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 260                      265                      270  
  
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
 275                      280                      285

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 290 295 300  
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 305 310 315 320  
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 325 330 335  
  
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 340 345 350  
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
 355 360 365  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
 385 390 395 400  
  
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
 405 410 415  
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
 420 425 430  
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
 435 440 445  
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
 450 455 460  
  
 Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala  
 465 470 475 480  
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
 485 490 495  
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 500

<210> 141

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-15

<400> 141

Ser Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 142

<211> 17

<212> PRT

<

213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-15

<400> 142

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 143

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-15

<400> 143

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp

1 5 10

<210> 144

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-15

<400> 144

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 145

<211> 7

<212> PRT



<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-15

<400> 145

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 146

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-15

<400> 146

Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 147

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-15

<400> 147

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 148

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-15

<400> 148

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 149

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-15 scFv

<400> 149

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
  
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp  
 165 170 175  
 Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val  
 180 185 190  
  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser  
 195 200 205  
 Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val  
 210 215 220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245  
  
 <210> 150  
 <211> 503  
 <212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-15 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 150

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser Thr Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val  
 245 250 255  
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu  
 260 265 270  
 Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met  
 275 280 285  
 Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg  
 290 295 300  
 Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 305 310 315 320  
 Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr  
 325 330 335  
 Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 340 345 350  
 Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr  
 355 360 365  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln  
 385 390 395 400  
 Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys  
 405 410 415  
 Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val  
 420 425 430  
 Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys  
 435 440 445  
 Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly  
 450 455 460  
 Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

465                      470                      475                      480  
 Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly  
                          485                      490                      495  
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
                          500

<210> 151  
 <211> 5  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR1 of BCMA-16  
 <400> 151

Ser Tyr Trp Ile His  
 1                      5

<210> 152  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR2 of BCMA-16  
 <400> 152

Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln  
 1                      5                      10                      15  
 Gly

<210> 153  
 <211> 12  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR3 of BCMA-16  
 <400> 153

Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp

1                      5                      10  
 <210> 154  
 <211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-16

<400> 154

Lys Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 155

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-16

<400> 155

Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 156

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220>

><223> VL CDR3 of BCMA-16

<400> 156

Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr

1 5

<210> 157

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-16

<400> 157

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile



35 40 45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 158

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-16

<400> 158

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

35 40 45  
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
 50 55 60  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
 65 70 75 80  
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly  
 85 90 95  
 Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110  
 <210> 159

<211> 248

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-16 scFv

<400> 159

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210                      215                      220  
 Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly  
 225                      230                      235                      240  
  
 Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245  
 <210> 160  
 <211> 503  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-16 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 160  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Thr  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20                      25                      30  
 Trp Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile  
  
 35                      40                      45  
 Gly Ala Ile Tyr Pro Gly Asn Ser Asp Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50                      55                      60  
 Gln Gly Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85                      90                      95  
 Thr Arg Ser Ser Tyr Tyr Tyr Asp Gly Ser Leu Phe Ala Asp Trp Gly  
  
 100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro  
 130                      135                      140  
 Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys  
 145                      150                      155                      160

Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp

165 170 175

Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Val

180 185 190

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val

210 215 220

Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Leu Pro Phe Thr Phe Gly

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

275 280 285

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

340 345 350

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

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

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

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

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

465 470 475 480  
Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

485 490 495  
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 161

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-17

<400> 161

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 162

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-17

<400> 162

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

1 5 10 15

Gly

<210> 163

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-17

<400> 163

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 164

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-17

<400> 164

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 165

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-17

<400> 165

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 166

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-17

<400> 166

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 167

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-17

<400> 167

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 168

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-17

<400> 168

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly



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

85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 169

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-17 scFv

<400> 169

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

Ala	Ser	Gln	Gly	Ile	Ser	Asn	Tyr	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro
				165				170				175			
Gly	Lys	Ala	Pro	Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Tyr	Thr	Ser	Asn	Leu	Gln	Ser
				180				185				190			
Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Tyr	Thr
				195				200				205			
Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys
210				215				220							
Gln	Gln	Tyr	Asp	Ile	Ser	Ser	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu
225				230				235				240			
Glu	Ile	Lys													
<210>	170														
<211>	498														
<212>	PRT														
<213>	artificial														
<220><223>	BCMA-17 HL x CD3 HL bispecific molecule														
<400>	170														
Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly
1				5					10				15		
Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Ser	Asn	Phe
				20				25				30			
Asp	Met	Ala	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Val	Trp	Val
35								40				45			
Ser	Ser	Ile	Thr	Thr	Gly	Ala	Asp	His	Ala	Ile	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val
50								55				60			
Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr
65				70				75				80			
Leu	Gln	Met	Asp	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85				90				95			

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

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

340					345					350						
Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Ile	Ser	Tyr	Trp	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	
355					360					365						
Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	
370					375					380						
Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Val	Val	Thr	Gln	Glu	Pro	Ser	Leu	Thr	
385					390					395					400	
Val	Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	Gly	Ser	Ser	Thr	Gly	
405					410					415						
Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Trp	Val	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	
420					425					430						
Gln	Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Lys	Phe	Leu	Ala	Pro	Gly	
435					440					445						
Thr	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Lys	Ala	Ala	Leu	
450					455					460						
Thr	Leu	Ser	Gly	Val	Gln	Pro	Glu	Asp	Glu	Ala	Glu	Tyr	Tyr	Cys	Val	
465					470					475					480	
Leu	Trp	Tyr	Ser	Asn	Arg	Trp	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	
485					490					495						
Val Leu																

<210> 171

&lt;211&gt; 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-18

<400> 171

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 172

&lt;211&gt; 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-18

<400> 172

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

1 5 10 15

Gly

<210> 173

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-18

<400> 173

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 174

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-18

<400> 174

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 175

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-18

<400> 175

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 176

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-18

<400> 176

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 177

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-18

<400> 177

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 178

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-18

<400> 178

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 179

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-18 scFv

<400> 179

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys



85

90

95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

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

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195

200

205

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

210

215

220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225

230

235

240

Glu Ile Lys

<210> 180

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-18 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 180

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

1

5

10

15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20

25

30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160  
  
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
  
 Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275                                      280                                      285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290                                      295                                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                                      310                                      315                                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325                                      330                                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340                                      345                                      350  
  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355                                      360                                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                                      375                                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                                      390                                      395                                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                                      410                                      415  
  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420                                      425                                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                                      440                                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450                                      455                                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                                      470                                      475                                      480  
  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485                                      490                                      495  
 Val Leu

<210> 181

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-19

<400> 181

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 182

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-19

<400> 182

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

1 5 10 15

Gly

<210> 183

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-19

<400> 183

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 184

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-19

<400> 184

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 185

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-19

<400> 185

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 186

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-19

<400> 186

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 187

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-19

<400> 187

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 188

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-19

<400> 188

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 189

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-19 scFv

<400> 189

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20					25					30						
Asp	Met	Ala	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Val	Trp	Val	
35					40					45						
Ser	Ser	Ile	Thr	Thr	Gly	Ala	Asp	His	Ala	Ile	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	
50					55					60						
Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	
65					70					75					80	
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	
85					90					95						
Val	Arg	His	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Tyr	His	Leu	Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	
100					105					110						
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	
115					120					125						
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	
130					135					140						
Ser	Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	
145					150					155					160	
Ala	Ser	Gln	Gly	Ile	Ser	Asn	Tyr	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	
165					170					175						
Gly	Lys	Ala	Pro	Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Tyr	Thr	Ser	Asn	Leu	Gln	Ser	
180					185					190						
Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Tyr	Thr	
195					200					205						
Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	
210					215					220						
Gln	Gln	Tyr	Asp	Ile	Ser	Ser	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	
225					230					235					240	
Glu Ile Lys																



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-19 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 190

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

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

210					215					220									
Gln	Gln	Tyr	Asp	Ile	Ser	Ser	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu				
225					230					235					240				
Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser				
245					250					255									
Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala				
260					265					270									
Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Lys	Tyr	Ala	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln				
275					280					285									
Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Arg	Ile	Arg	Ser	Lys	Tyr				
290					295					300									
Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Asp	Arg	Phe	Thr				
305					310					315					320				
Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr	Ala	Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Asn				
325					330					335									
Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Val	Arg	His	Gly	Asn				
340					345					350									
Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Ile	Ser	Tyr	Trp	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr				
355					360					365									
Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser				
370					375					380									
Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Val	Val	Thr	Gln	Glu	Pro	Ser	Leu	Thr				
385					390					395					400				
Val	Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	Gly	Ser	Ser	Thr	Gly				
405					410					415									
Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Trp	Val	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly				
420					425					430									
Gln	Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Lys	Phe	Leu	Ala	Pro	Gly				
435					440					445									
Thr	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Lys	Ala	Ala	Leu				
450					455					460									

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 191

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-20

<400> 191

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 192

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-20

<400> 192

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

1 5 10 15

Gly

<210> 193

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-20

<400> 193

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 194

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-20

<400> 194

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 195

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-20

<400> 195

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 196

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-20

<400> 196

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 197

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-20

<400> 197

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20

25

30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 198

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-20

<400> 198

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

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

85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 199

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-20 scFv

<400> 199

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
 225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 200  
 <211> 498  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-20 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 200

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

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

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg



145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
                                  165                      170                      175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
                                  180                      185                      190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
                                  195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
                                  210                      215                      220  
  
 Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                                  245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
                                  260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
                                  275                      280                      285  
  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
                                  290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                                  325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                                  340                      345                      350  
  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
                                  355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 201

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-21

<400> 201

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 202

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-21

<400> 202

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

1 5 10 15

Gly

<210> 203

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-21

<400> 203

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 204

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-21

<400> 204

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 205

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-21

<400> 205

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 206

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-21

<400> 206

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 207

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-21

<400> 207

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 208

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-21

<400> 208

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105  
 <210> 209  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-21 scFv  
 <400> 209  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
 20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 210

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-21 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 210

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30

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

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85	90	95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro		
130	135	140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg		
145	150	155
		160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro		
165	170	175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser		
180	185	190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr		
195	200	205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys		
210	215	220
Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu		
225	230	235
		240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser		
245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala		
260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln		
275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr		
290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr		
305	310	315
		320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn		
325	330	335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485 490 495

Val Leu

<210> 211

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-22

<400> 211

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 212

<211> 17



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-22

<400> 212

Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 213

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-22

<400> 213

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 214

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-22

<400> 214

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 215

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-22

<400> 215

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 216

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-22

<400> 216

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 217

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-22

<400> 217

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 218

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-22

<400> 218

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 219

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-22 scFv

<400> 219

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Ala Asp His Ala Ile Tyr Ala Glu Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 220

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-22 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 220

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20					25					30						
Asp	Met	Ala	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Val	Trp	Val	
35					40					45						
Ser	Ser	Ile	Thr	Thr	Gly	Ala	Asp	His	Ala	Ile	Tyr	Ala	Glu	Ser	Val	
50					55					60						
Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	
65					70					75					80	
Leu	Gln	Met	Asp	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	
85					90					95						
Val	Arg	His	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Tyr	His	Leu	Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	
100					105					110						
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	
115					120					125						
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	
130					135					140						
Ser	Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys	Arg	
145					150					155					160	
Ala	Ser	Gln	Gly	Ile	Ser	Asn	Tyr	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	
165					170					175						
Gly	Lys	Ala	Pro	Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Tyr	Thr	Ser	Asn	Leu	Gln	Ser	
180					185					190						
Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Tyr	Thr	
195					200					205						
Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	
210					215					220						
Met	Gly	Gln	Thr	Ile	Ser	Ser	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	
225					230					235					240	
Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser	
245					250					255						
Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala	
260					265					270						

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 221

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-23

<400> 221

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 222

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-23

<400> 222

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

1 5 10 15

Gly

<210> 223

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-23

<400> 223

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 224

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-23

<400> 224

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 225

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-23

<400> 225

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 226

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-23

<400> 226

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 227

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-23

<400> 227

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys



85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 228

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-23

<400> 228

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr

85 90 95  
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 229

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-23 scFv

<400> 229

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 230

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-23 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 230

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

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

210					215					220						
Met	Gly	Gln	Thr	Ile	Ser	Ser	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	
225					230					235					240	
Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser	
245					250					255						
Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala	
260					265					270						
Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Lys	Tyr	Ala	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	
275					280					285						
Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Arg	Ile	Arg	Ser	Lys	Tyr	
290					295					300						
Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Asp	Arg	Phe	Thr	
305					310					315					320	
Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr	Ala	Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Asn	
325					330					335						
Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Val	Arg	His	Gly	Asn	
340					345					350						
Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Ile	Ser	Tyr	Trp	Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	
355					360					365						
Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	
370					375					380						
Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Val	Val	Thr	Gln	Glu	Pro	Ser	Leu	Thr	
385					390					395					400	
Val	Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	Gly	Ser	Ser	Thr	Gly	
405					410					415						
Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Trp	Val	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	
420					425					430						
Gln	Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Lys	Phe	Leu	Ala	Pro	Gly	
435					440					445						
Thr	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Lys	Ala	Ala	Leu	
450					455					460						

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 231

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-24

<400> 231

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 232

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-24

<400> 232

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

1 5 10 15

Gly

<210> 233

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-24

<400> 233

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 234

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-24

<400> 234

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 235

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-24

<400> 235

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 236

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-24

<400> 236

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 237

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-24

<400> 237

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 238

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-24

<400> 238

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

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

85 90 95  
 Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110

<210> 239

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-24 scFv

<400> 239

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205



Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 240

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-24 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 240

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

1

5

10

15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50

55

60

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

65

70

75

80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85

90

95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

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

145                      150                      155                      160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
                                  165                      170                      175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
                                  180                      185                      190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
                                  195                      200                      205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
                                  245                      250                      255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
                                  260                      265                      270  
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
                                  275                      280                      285  
  
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
                                  290                      295                      300  
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305                      310                      315                      320  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
                                  325                      330                      335  
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
                                  340                      345                      350  
  
 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
                                  355                      360                      365  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385                      390                      395                      400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 241

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-25

<400> 241

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 242

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-25

<400> 242

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

1 5 10 15

Gly

<210> 243

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-25

<400> 243

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 244

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-25

<400> 244

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 245

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-25

<400> 245

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 246

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-25

<400> 246

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 247

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-25

<400> 247

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 248

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-25

<400> 248

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
65 70 75 80  
Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr  
85 90 95  
Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110  
<210> 249  
<211> 246  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-25 scFv  
<400> 249  
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30  
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125  
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 250

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-25 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 250

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335



Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
 500

<210> 251

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-26

<400> 251

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 252

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-26

<400> 252

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

1 5 10 15

Gly

<210> 253

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-26

<400> 253

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 254

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-26

<400> 254

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 255

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-26

<400> 255

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 256

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-26

<400> 256

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 257

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-26

<400> 257

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 258

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-26

<400> 258

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

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

85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 259

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-26 scFv

<400> 259

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 260

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-26 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 260

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

				20				25				30			
Tyr	Ile	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met
35				40				45							
Gly	Trp	Ile	Tyr	Phe	Ala	Ser	Gly	Asn	Ser	Glu	Tyr	Asn	Gln	Lys	Phe
50				55				60							
Thr	Gly	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	Tyr
65				70				75				80			
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys
85				90				95							
Ala	Ser	Leu	Tyr	Asp	Tyr	Asp	Trp	Tyr	Phe	Asp	Val	Trp	Gly	Gln	Gly
100				105				110							
Thr	Met	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly
115				120				125							
Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Thr	Pro	Leu	Ser
130				135				140							
Leu	Ser	Val	Thr	Pro	Gly	Gln	Pro	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Lys	Ser	Ser
145				150				155				160			
Gln	Ser	Leu	Val	His	Ser	Asn	Gly	Asn	Thr	Tyr	Leu	His	Trp	Tyr	Leu
165				170				175							
Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ser	Pro	Gln	Leu	Leu	Ile	Tyr	Lys	Val	Ser	Asn
180				185				190							
Arg	Phe	Ser	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr
195				200				205							
Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Ile	Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Val	Gly	Val
210				215				220							
Tyr	Tyr	Cys	Ala	Glu	Thr	Ser	His	Val	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly
225				230				235				240			
Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu
245				250				255							
Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu
260				265				270							

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
 500

<210> 261

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-27

<400> 261

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 262

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-27

<400> 262

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

1 5 10 15

Gly

<210> 263

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-27

<400> 263

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 264

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-27

<400> 264

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 265



<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-27

<400> 265

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 266

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-27

<400> 266

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 267

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-27

<400> 267

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 268

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-27

<400> 268

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30  
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

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

85 90 95  
Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

<210> 269

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-27 scFv

<400> 269

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 270

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-27 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 270

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 271

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-28

<400> 271

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 272

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-28

<400> 272

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

1 5 10 15

Gly

<210> 273

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-28

<400> 273

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 274

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-28

<400> 274

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 275

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-28

<400> 275

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 276

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-28

<400> 276

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 277

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-28

<400> 277

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 278

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-28

<400> 278

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

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

85 90 95  
 Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110



<210> 279

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-28 scFv

<400> 279

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245

<210> 280  
 <211> 501  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-28 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 280

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
 20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
 130 135 140

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

145                      150                      155                      160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
                                  165                      170                      175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
                                  180                      185                      190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
                                  195                      200                      205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
                                  245                      250                      255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
                                  260                      265                      270  
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
                                  275                      280                      285  
  
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
                                  290                      295                      300  
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305                      310                      315                      320  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
                                  325                      330                      335  
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
                                  340                      345                      350  
  
 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
                                  355                      360                      365  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385                      390                      395                      400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 281

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-29

<400> 281

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 282

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-29

<400> 282

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

1 5 10 15

Gly

<210> 283

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-29

<400> 283

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 284

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-29

<400> 284

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 285

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-29

<400> 285

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 286

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-29

<400> 286

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 287

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-29

<400> 287

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 288

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-29

<400> 288

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr  
85 90 95  
Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110  
<210> 289  
<211> 246  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-29 scFv  
<400> 289  
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30  
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125  
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 290

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-29 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 290

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys



85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 291

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-30

<400> 291

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 292

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-30

<400> 292

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

1 5 10 15

Gly

<210> 293

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-30

<400> 293

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 294

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-30

<400> 294

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 295

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-30

<400> 295

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 296

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-30

<400> 296

Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 297

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-30

<400> 297

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 298

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-30

<400> 298

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

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

85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 299

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-30 scFv

<400> 299

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 300

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-30 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 300

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30  
 Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125  
 Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
 130 135 140  
 Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
 145 150 155 160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
 165 170 175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
 180 185 190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala  
 195 200 205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
 210 215 220  
 Tyr Tyr Cys Ala Glu Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225 230 235 240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
 500

<210> 301



<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-31

<400> 301

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 302

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-31

<400> 302

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

1 5 10 15

Gly

<210> 303

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-31

<400> 303

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 304

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-31

<400> 304

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 305

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-31

<400> 305

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 306

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-31

<400> 306

Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 307

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-31

<400> 307

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 308

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-31

<400> 308

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

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

85 90 95

Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 309

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-31 scFv

<400> 309

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 310

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-31 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 310

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210                                      215                                      220  
 Tyr Tyr Cys Leu Thr Thr Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225                                      230                                      235                                      240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245                                      250                                      255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260                                      265                                      270  
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
 275                                      280                                      285  
  
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
 290                                      295                                      300  
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305                                      310                                      315                                      320  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
 325                                      330                                      335  
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340                                      345                                      350  
  
 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355                                      360                                      365  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 370                                      375                                      380  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385                                      390                                      395                                      400  
 Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405                                      410                                      415  
  
 Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420                                      425                                      430  
 Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435                                      440                                      445  
 Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450                                      455                                      460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 311

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-32

<400> 311

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 312

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-32

<400> 312

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 313

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-32

<400> 313

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 314

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-32

<400> 314

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 315

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-32

<400> 315

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 316

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-32

<400> 316

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 317

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-32

<400> 317

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20

25

30



Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 318

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-32

<400> 318

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

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

85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 319

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-32 scFv

<400> 319

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 320

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-32 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 320

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

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe  
50 55 60  
Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

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

145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
                                  165                      170                      175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
                                  180                      185                      190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
                                  195                      200                      205  
 Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
                                  210                      215                      220  
  
 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                                  245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
                                  260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
                                  275                      280                      285  
  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
                                  290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                                  325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                                  340                      345                      350  
  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
                                  355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 321

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-33

<400> 321

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 322

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-33

<400> 322

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 323

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-33

<400> 323

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 324

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-33

<400> 324

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 325

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-33

<400> 325

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 326

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-33

<400> 326

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 327

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-33

<400> 327

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 328

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-33

<400> 328

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105  
 <210> 329  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-33 scFv  
 <400> 329  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
 20 25 30  
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140



Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 330

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-33 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 330

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85	90	95
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro		
130	135	140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln		
145	150	155
		160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro		
165	170	175
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr		
180	185	190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr		
195	200	205
Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys		
210	215	220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val		
225	230	235
		240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser		
245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala		
260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln		
275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr		
290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr		
305	310	315
		320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn		
325	330	335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485 490 495

Val Leu

<210> 331

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-34

<400> 331

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 332

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-34

<400> 332

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 333

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-34

<400> 333

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 334

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-34

<400> 334

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 335

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-34

<400> 335

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 336

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-34

<400> 336

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 337

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-34

<400> 337

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 338

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-34

<400> 338

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 339

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-34 scFv

<400> 339

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 340

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-34 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 340

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30  
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Glu Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205  
 Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270



Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 341

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-35

<400> 341

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 342

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-35

<400> 342

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 343

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-35

<400> 343

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 344

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-35

<400> 344

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 345

<211> 7  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VL CDR2 of BCMA-35  
 <400> 345

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
 1 5

<210> 346  
 <211> 9

<212> PRT  
 <213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-35  
 <400> 346

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr  
 1 5

<210> 347  
 <211> 121

<212> PRT  
 <213> artificial

<220><223> VH of BCMA-35  
 <400> 347

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30  
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60  
 Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 348

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-35

<400> 348

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

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

85 90 95  
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 349

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-35 scFv

<400> 349

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 350

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-35 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 350

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210                      215                      220  
 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                          245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
                          260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
                          275                      280                      285  
  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
                          290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                          325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                          340                      345                      350  
  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
                          355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                          370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
                          405                      410                      415  
  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
                          420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
                          435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
                          450                      455                      460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 351

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-36

<400> 351

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 352

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-36

<400> 352

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 353

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-36

<400> 353

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 354



<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-36

<400> 354

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 355

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-36

<400> 355

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 356

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-36

<400> 356

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 357

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-36

<400> 357

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20

25

30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120  
<210> 358  
<211> 107  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> VL of BCMA-36  
<400> 358  
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
85 90 95  
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 359

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-36 scFv

<400> 359

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 360

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-36 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 360

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

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

145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
                                  165                      170                      175  
 Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
                                  180                      185                      190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser  
                                  195                      200                      205  
 Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
                                  210                      215                      220  
  
 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                                  245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
                                  260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
                                  275                      280                      285  
  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
                                  290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                                  325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                                  340                      345                      350  
  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
                                  355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 361

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-37

<400> 361

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 362

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-37

<400> 362

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 363

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-37

<400> 363

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 364

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-37

<400> 364

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 365

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-37

<400> 365

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 366

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-37

<400> 366

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 367

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-37

<400> 367

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 368

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-37

<400> 368

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45



Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105  
 <210> 369  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-37 scFv  
 <400> 369  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
 20 25 30  
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser  
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 370

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-37 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 370

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Lys Val Ile Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Lys Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85	90	95
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly		
100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly		
115	120	125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro		
130	135	140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln		
145	150	155
		160
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro		
165	170	175
Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr		
180	185	190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser		
195	200	205
Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys		
210	215	220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val		
225	230	235
		240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser		
245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala		
260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln		
275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr		
290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr		
305	310	315
		320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn		
325	330	335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485 490 495

Val Leu

<210> 371

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-38

<400> 371

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 372

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-38

<400> 372

Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 373

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-38

<400> 373

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 374

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-38

<400> 374

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 375

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-38

<400> 375

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 376

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-38

<400> 376

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 377

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-38

<400> 377

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 378

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-38

<400> 378

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 379

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-38 scFv

<400> 379

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 380

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-38 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 380

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His



20 25 30  
 Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Pro Gly Tyr His Ala Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Thr Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205  
 Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 381

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-39

<400> 381

Asn His Ile Ile His

1 5

<210> 382

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-39

<400> 382

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 383

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-39

<400> 383

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 384

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-39

<400> 384

Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 385

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-39

<400> 385

Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

1 5

<210> 386

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-39

<400> 386

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 387

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-39

<400> 387

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 388

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-39

<400> 388

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln

65 70 75 80  
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95  
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 389

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-39 scFv

<400> 389

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His  
20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr  
180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 390

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-39 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 390

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Ile Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His

20 25 30

Ile Ile His Trp Val Arg Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Gly Trp Gly Asp Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Ala Asp Val Leu Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Thr

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

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

210	215	220	
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val			
225	230	235	240
Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser			
	245	250	255
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala			
	260	265	270
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln			
	275	280	285
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr			
	290	295	300
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr			
305	310	315	320
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn			
	325	330	335
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn			
	340	345	350
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
	355	360	365
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser			
	370	375	380
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr			
385	390	395	400
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly			
	405	410	415
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly			
	420	425	430
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly			
	435	440	445
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu			
	450	455	460



Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
485 490 495

Val Leu

<210> 391

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-40

<400> 391

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 392

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-40

<400> 392

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

1 5 10 15

Gly

<210> 393

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-40

<400> 393

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 394

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-40

<400> 394

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 395

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-40

<400> 395

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 396

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-40

<400> 396

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 397

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-40

<400> 397

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 398

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-40

<400> 398

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

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

85 90 95  
 Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110

<210> 399

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-40 scFv

<400> 399

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
 210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 245

<210> 400  
 <211> 501  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-40 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 400

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
 20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
 130 135 140

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

145                      150                      155                      160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
                                  165                      170                      175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
                                  180                      185                      190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
                                  195                      200                      205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
                                  245                      250                      255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
                                  260                      265                      270  
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
                                  275                      280                      285  
  
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
                                  290                      295                      300  
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305                      310                      315                      320  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
                                  325                      330                      335  
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
                                  340                      345                      350  
  
 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
                                  355                      360                      365  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385                      390                      395                      400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 401

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-41

<400> 401

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 402

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-41

<400> 402

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

1 5 10 15

Gly

<210> 403

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-41

<400> 403

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 404

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-41

<400> 404

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 405

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-41

<400> 405

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 406

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-41

<400> 406

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 407

<211> 119



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-41

<400> 407

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 408

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-41

<400> 408

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser  
85 90 95  
Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110  
<210> 409  
<211> 246  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-41 scFv  
<400> 409  
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30  
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125  
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 410

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-41 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 410

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 411

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-42

<400> 411

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 412

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-42

<400> 412

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

1 5 10 15

Gly

<210> 413

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-42

<400> 413

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 414

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-42

<400> 414

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 415

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-42

<400> 415

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 416

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-42

<400> 416

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 417

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-42

<400> 417

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 418

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-42

<400> 418

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 419

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-42 scFv

<400> 419

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80



Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 420

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-42 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 420

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

				20				25				30			
Tyr	Ile	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met
35				40				45							
Gly	Trp	Ile	Tyr	Phe	Ala	Ser	Gly	Asn	Ser	Glu	Tyr	Asn	Gln	Lys	Phe
50				55				60							
Thr	Gly	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ile	Ser	Thr	Ala	Tyr
65				70				75				80			
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys
85				90				95							
Ala	Ser	Leu	Tyr	Asp	Tyr	Asp	Trp	Tyr	Phe	Asp	Val	Trp	Gly	Gln	Gly
100				105				110							
Thr	Met	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly
115				120				125							
Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Thr	Pro	Leu	Ser
130				135				140							
Leu	Pro	Val	Thr	Leu	Gly	Gln	Pro	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Lys	Ser	Ser
145				150				155				160			
Gln	Ser	Leu	Val	His	Ser	Asn	Gly	Asn	Thr	Tyr	Leu	His	Trp	Tyr	Leu
165				170				175							
Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ser	Pro	Gln	Leu	Leu	Ile	Tyr	Lys	Val	Ser	Asn
180				185				190							
Arg	Phe	Ser	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr
195				200				205							
Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Ile	Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Val	Gly	Val
210				215				220							
Tyr	Tyr	Cys	Ser	Gln	Ser	Thr	Tyr	Pro	Glu	Phe	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly
225				230				235				240			
Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu
245				250				255							
Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu
260				265				270							

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 421

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-43

<400> 421

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 422

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-43

<400> 422

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

1 5 10 15

Gly

<210> 423

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-43

<400> 423

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 424

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-43

<400> 424

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 425

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-43

<400> 425

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 426

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-43

<400> 426

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 427

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-43

<400> 427

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 428

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-43

<400> 428

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30  
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45  
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95  
Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

<210> 429

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-43 scFv

<400> 429

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 430

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-43 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 430

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val



210					215					220									
Tyr	Tyr	Cys	Ser	Gln	Ser	Ser	Thr	Ala	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly				
225					230					235					240				
Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu				
245					250					255									
Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu				
260					265					270									
Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Lys	Tyr	Ala	Met	Asn	Trp				
275					280					285									
Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Arg	Ile	Arg				
290					295					300									
Ser	Lys	Tyr	Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Asp				
305					310					315					320				
Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr	Ala	Tyr	Leu	Gln				
325					330					335									
Met	Asn	Asn	Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Val	Arg				
340					345					350									
His	Gly	Asn	Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Ile	Ser	Tyr	Trp	Ala	Tyr	Trp	Gly				
355					360					365									
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly				
370					375					380									
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Val	Val	Thr	Gln	Glu	Pro				
385					390					395					400				
Ser	Leu	Thr	Val	Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	Gly	Ser				
405					410					415									
Ser	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Trp	Val	Gln	Gln				
420					425					430									
Lys	Pro	Gly	Gln	Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Lys	Phe	Leu				
435					440					445									
Ala	Pro	Gly	Thr	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Lys				
450					455					460									

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 431

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-44

<400> 431

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 432

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-44

<400> 432

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

1 5 10 15

Gly

<210> 433

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-44

<400> 433

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 434

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-44

<400> 434

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 435

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-44

<400> 435

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 436

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-44

<400> 436

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 437

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-44

<400> 437

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 438

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-44

<400> 438

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

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

85 90 95  
 Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110

<210> 439

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-44 scFv

<400> 439

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210

215

220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly

225

230

235

240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 440

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-44 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 440

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

1

5

10

15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50

55

60

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

65

70

75

80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85

90

95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100

105

110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130

135

140

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

145                      150                      155                      160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
                                  165                      170                      175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
                                  180                      185                      190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
                                  195                      200                      205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
                                  245                      250                      255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
                                  260                      265                      270  
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
                                  275                      280                      285  
  
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
                                  290                      295                      300  
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305                      310                      315                      320  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
                                  325                      330                      335  
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
                                  340                      345                      350  
  
 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
                                  355                      360                      365  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385                      390                      395                      400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 441

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-45

<400> 441

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 442

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-45

<400> 442

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

1 5 10 15

Gly



<210> 443

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-45

<400> 443

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 444

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-45

<400> 444

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 445

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-45

<400> 445

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 446

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-45

<400> 446

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 447

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-45

<400> 447

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 448

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-45

<400> 448

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser  
85 90 95  
Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110  
<210> 449  
<211> 246  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-45 scFv  
<400> 449  
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30  
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125  
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 450

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-45 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 450

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
 500

<210> 451

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-46

<400> 451

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 452

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-46

<400> 452

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 453

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-46

<400> 453

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 454

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-46

<400> 454

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 455

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-46

<400> 455

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 456

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-46

<400> 456

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 457

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-46

<400> 457

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 458

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial



<220><223> VL of BCMA-46

<400> 458

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95

Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 459

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-46 scFv

<400> 459

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 460

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-46 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 460

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30  
 Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
 115 120 125  
 Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
 130 135 140  
 Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
 145 150 155 160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
 165 170 175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
 180 185 190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
 195 200 205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
 210 215 220  
 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
 225 230 235 240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
 245 250 255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
 260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 461

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-47

<400> 461

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 462

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-47

<400> 462

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 463

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-47

<400> 463

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 464

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-47

<400> 464

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 465

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-47

<400> 465

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 466

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-47

<400> 466

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 467

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-47

<400> 467

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 468

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-47

<400> 468

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30  
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45  
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95  
Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

<210> 469

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-47 scFv

<400> 469

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 470



<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-47 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 470

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val

210					215					220									
Tyr	Tyr	Cys	Ser	Gln	Ser	Ser	Ile	Tyr	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly				
225					230					235					240				
Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu				
245					250					255									
Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu				
260					265					270									
Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Lys	Tyr	Ala	Met	Asn	Trp				
275					280					285									
Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Arg	Ile	Arg				
290					295					300									
Ser	Lys	Tyr	Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Asp				
305					310					315					320				
Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr	Ala	Tyr	Leu	Gln				
325					330					335									
Met	Asn	Asn	Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Val	Arg				
340					345					350									
His	Gly	Asn	Phe	Gly	Asn	Ser	Tyr	Ile	Ser	Tyr	Trp	Ala	Tyr	Trp	Gly				
355					360					365									
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly				
370					375					380									
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Val	Val	Thr	Gln	Glu	Pro				
385					390					395					400				
Ser	Leu	Thr	Val	Ser	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Leu	Thr	Cys	Gly	Ser				
405					410					415									
Ser	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Trp	Val	Gln	Gln				
420					425					430									
Lys	Pro	Gly	Gln	Ala	Pro	Arg	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Lys	Phe	Leu				
435					440					445									
Ala	Pro	Gly	Thr	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Lys				
450					455					460									

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 471

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-48

<400> 471

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 472

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-48

<400> 472

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Thr

1 5 10 15

Gly

<210> 473

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-48

<400> 473

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 474

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-48

<400> 474

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 475

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-48

<400> 475

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 476

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-48

<400> 476

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 477

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-48

<400> 477

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20

25

30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe  
 50 55 60  
 Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
 Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 478

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-48

<400> 478

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

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

85 90 95  
 Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110

<210> 479

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-48 scFv

<400> 479

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240  
Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 480

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-48 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 480

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

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Lys Phe  
50 55 60  
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125  
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140  
Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145                      150                      155                      160  
 Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
                                  165                      170                      175  
 Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
                                  180                      185                      190  
 Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
                                  195                      200                      205  
 Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu  
                                  245                      250                      255  
 Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu  
                                  260                      265                      270  
 Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
                                  275                      280                      285  
  
 Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
                                  290                      295                      300  
 Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
 305                      310                      315                      320  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
                                  325                      330                      335  
 Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
                                  340                      345                      350  
  
 His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
                                  355                      360                      365  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385                      390                      395                      400



Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 481

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-49

<400> 481

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 482

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-49

<400> 482

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

1 5 10 15

Gly

<210> 483

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-49

<400> 483

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 484

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-49

<400> 484

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 485

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-49

<400> 485

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 486

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-49

<400> 486

Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr

1 5

<210> 487

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-49

<400> 487

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 488

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-49

<400> 488

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser  
85 90 95  
Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110  
<210> 489  
<211> 246  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-49 scFv  
<400> 489  
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30  
Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60  
Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Asn Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110  
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125  
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 490

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-49 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 490

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Asn Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85	90	95
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly		
100	105	110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly		
115	120	125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser		
130	135	140
Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser		
145	150	155
		160
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu		
165	170	175
Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn		
180	185	190
Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr		
195	200	205
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile		
210	215	220
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Thr Ala Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly		
225	230	235
		240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu		
245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu		
260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp		
275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg		
290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp		
305	310	315
		320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln		
325	330	335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
 340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
 355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
 385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
 405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
 420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
 435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
 450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
 465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
 500

<210> 491

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-50

<400> 491

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 492

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-50

<400> 492

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

1 5 10 15

Gly

<210> 493

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-50

<400> 493

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 494

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-50

<400> 494

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 495

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-50

<400> 495

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 496



<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-50

<400> 496

Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 497

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-50

<400> 497

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 498

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-50

<400> 498

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

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

85 90 95

Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 499

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-50 scFv

<400> 499

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Ser Ile Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 500  
<211> 501  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-50 HL x CD3 HL bispecific molecule  
<400> 500

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

				20				25				30			
Tyr	Ile	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met
35				40				45							
Gly	Trp	Ile	Tyr	Phe	Ala	Ser	Gly	Asn	Ser	Glu	Tyr	Asn	Gln	Lys	Phe
50				55				60							
Thr	Gly	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ile	Asn	Thr	Ala	Tyr
65				70				75				80			
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys
85				90				95							
Ala	Ser	Leu	Tyr	Asp	Tyr	Asp	Trp	Tyr	Phe	Asp	Val	Trp	Gly	Gln	Gly
100				105				110							
Thr	Met	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly
115				120				125							
Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Thr	Pro	Leu	Ser
130				135				140							
Leu	Ser	Val	Thr	Pro	Gly	Gln	Pro	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Lys	Ser	Ser
145				150				155				160			
Gln	Ser	Leu	Val	His	Ser	Asn	Gly	Asn	Thr	Tyr	Leu	His	Trp	Tyr	Leu
165				170				175							
Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ser	Pro	Gln	Leu	Leu	Ile	Tyr	Lys	Val	Ser	Asn
180				185				190							
Arg	Phe	Ser	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr
195				200				205							
Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Ile	Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Val	Gly	Ile
210				215				220							
Tyr	Tyr	Cys	Ser	Gln	Ser	Ser	Ile	Tyr	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly
225				230				235				240			
Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu
245				250				255							
Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu
260				265				270							

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp  
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg  
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp  
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln  
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg  
340 345 350

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly  
355 360 365

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

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro  
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser  
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln  
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu  
435 440 445

Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys  
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 501

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-51

<400> 501

Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5

<210> 502

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-51

<400> 502

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

1 5 10 15

Gly

<210> 503

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-51

<400> 503

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 504

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-51

<400> 504

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 505

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-51

<400> 505

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 506

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-51

<400> 506

Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr

1 5

<210> 507

<211> 119

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-51

<400> 507

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 508

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-51

<400> 508

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser

20 25 30  
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45  
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60  
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80  
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser

85 90 95  
Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105 110

<210> 509

<211> 246

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-51 scFv

<400> 509

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15



Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr  
20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe  
50 55 60

Thr Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Asn Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly  
100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser  
130 135 140

Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu  
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn  
180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr  
195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile  
210 215 220

Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly  
225 230 235 240

Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 510

<211> 501

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-51 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 510

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile

210	215	220	
Tyr Tyr Cys Ser Gln Ser Thr Tyr Pro Glu Phe Thr Phe Gly Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu			
	245	250	255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu			
	260	265	270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp			
	275	280	285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg			
	290	295	300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp			
305	310	315	320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln			
	325	330	335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg			
	340	345	350
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly			
	355	360	365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
	370	375	380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro			
385	390	395	400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser			
	405	410	415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln			
	420	425	430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu			
	435	440	445
Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys			
	450	455	460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr  
465 470 475 480

Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr  
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu  
500

<210> 511

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-52

<400> 511

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 512

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-52

<400> 512

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 513

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-52

<400> 513

Asp Gly Tyr His

1

<210> 514

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-52

<400> 514

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 515

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-52

<400> 515

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 516

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-52

<400> 516

Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 517

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-52

<400> 517

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu  
 50 55 60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65 70 75 80  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
 100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 518

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-52

<400> 518

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

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

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

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

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 519

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-52 scFv

<400> 519

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

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

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr  
210 215 220  
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
225 230 235  
<210> 520  
<211> 492  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-52 HL x CD3 HL bispecific molecule  
<400> 520  
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
20 25 30  
Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu  
50 55 60  
Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
65 70 75 80  
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
85 90 95  
Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
100 105 110  
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125  
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
130 135 140  
Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
145 150 155 160  
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu



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

Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

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

485 490

<210> 521

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-53

<400> 521

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 522

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-53

<400> 522

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 523

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-53

<400> 523

Asp Gly Tyr His

1

<210> 524

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-53

<400> 524

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 525

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-53

<400> 525

Asn Ala Asn Ser Leu His Ser

1 5

<210> 526

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-53

<400> 526

Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 527

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-53

<400> 527

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
                     20                      25                      30  
 Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile  
  
                     35                      40                      45  
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala  
                     50                      55                      60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
                     85                      90                      95  
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

                    100                      105                      110

Val Ser Ser

115

<210> 528

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-53

<400> 528

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

                    35                      40                      45  
 Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
                     50                      55                      60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro  
 65                      70                      75                      80

Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 529

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-53 scFv

<400> 529

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
20 25 30

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

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190  
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met

195 200 205  
Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr

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

225 230 235

<210> 530

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-53 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 530

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
20 25 30

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

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala  
50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125

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

130	135	140	
Val Gly Asp Arg Val Thr	Ile Lys Cys Arg Ala Ser	Glu Asp Ile Arg	
145	150	155	160
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr	Gln Gln Lys Pro Gly Lys	Ala Pro Lys Leu	
	165	170	175
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn	Ser Leu His Ser Gly	Val Pro Ser Arg	Phe
	180	185	190
Ser Gly Ser Gly Ser Gly	Thr Asp Phe Thr Leu	Thr Ile Ser Ser	Met
	195	200	205
Gln Pro Glu Asp Glu Gly	Thr Tyr Tyr Cys Glu	Asp Thr Ser Lys	Tyr
	210	215	220
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln	Gly Thr Lys Leu Glu	Ile Lys Ser Gly	Gly
	225	230	235
225			240
Gly Gly Ser Glu Val Gln	Leu Val Glu Ser Gly	Gly Gly Leu Val	Gln
	245	250	255
Pro Gly Gly Ser Leu Lys	Leu Ser Cys Ala Ala	Ser Gly Phe Thr	Phe
	260	265	270
Asn Lys Tyr Ala Met Asn	Trp Val Arg Gln Ala	Pro Gly Lys Gly	Leu
	275	280	285
Glu Trp Val Ala Arg Ile	Arg Ser Lys Tyr Asn	Asn Tyr Ala Thr	Tyr
	290	295	300
Tyr Ala Asp Ser Val Lys	Asp Arg Phe Thr Ile	Ser Arg Asp Asp	Ser
	305	310	315
305			320
Lys Asn Thr Ala Tyr Leu	Gln Met Asn Asn Leu	Lys Thr Glu Asp	Thr
	325	330	335
Ala Val Tyr Tyr Cys Val	Arg His Gly Asn Phe	Gly Asn Ser Tyr	Ile
	340	345	350
Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp	Gly Gln Gly Thr Leu	Val Thr Val Ser	Ser
	355	360	365
Gly Gly Gly Gly Ser Gly	Gly Gly Gly Ser Gly	Gly Gly Gly Ser	Gln
	370	375	380

Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr  
 385 390 395 400  
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn  
 405 410 415  
 Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu  
 420 425 430  
 Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser  
 435 440 445

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln  
 450 455 460  
 Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg  
 465 470 475 480  
 Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 485 490

<210> 531

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-54

<400> 531

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 532

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-54

<400> 532

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 533



<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-54

<400> 533

Asp Gly Tyr His

1

<210> 534

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-54

<400> 534

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1

5

10

<210> 535

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-54

<400> 535

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1

5

<210> 536

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-54

<400> 536

Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr Thr

1

5

<210> 537

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-54

<400> 537

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

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

65	70	75	80
Leu	Tyr	Leu	Gln
Met	Asn	Ser	Leu
Lys	Lys	Glu	Asp
Thr	Ala	Val	Tyr
85	90	95	
Tyr	Cys	Thr	Asp
Asp	Gly	Tyr	His
Trp	Gly	Gln	Gly
Thr	Leu	Val	Thr
100	105	110	
Val	Ser	Ser	

115

<210> 538

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-54

<400> 538

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

1	5	10	15
Asp	Arg	Val	Thr
Ile	Ala	Cys	Arg
Ala	Ser	Glu	Asp
Ile	Arg	Asn	Gly
20	25	30	
Leu	Ala	Trp	Tyr
Gln	Gln	Lys	Pro
Gly	Lys	Ala	Pro
Lys	Leu	Leu	Ile
35	40	45	
Tyr	Asn	Ala	Asn
Ser	Leu	His	Thr
Gly	Val	Pro	Ser
Arg	Phe	Ser	Gly

50                      55                      60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
  
 65                      70                      75                      80  
 Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr Pro Tyr  
  
                     85                      90                      95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
  
                     100                      105  
 <210> 539  
 <211> 237  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-54 scFv  
 <400> 539  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
 1                      5                      10                      15  
  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
                     20                      25                      30  
 Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile  
                     35                      40                      45  
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala  
                     50                      55                      60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65                      70                      75                      80  
  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
                     85                      90                      95  
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
                     100                      105                      110  
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
                     115                      120                      125  
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
                     130                      135                      140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
 145 150 155 160  
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 165 170 175  
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe  
 180 185 190  
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu  
 195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr  
 210 215 220  
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 225 230 235

<210> 540

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-54 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 540

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

20 25 30  
 Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala  
 50 55 60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65 70 75 80  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95  
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
 100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125  
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
130 135 140  
Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
145 150 155 160  
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
165 170 175  
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe  
180 185 190  
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu  
195 200 205  
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Asp Thr Ser Lys Tyr  
210 215 220  
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly  
225 230 235 240  
Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln  
245 250 255  
Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe  
260 265 270  
Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu  
275 280 285  
Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr  
290 295 300  
Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser  
305 310 315 320  
Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr  
325 330 335  
Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile  
340 345 350  
Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

355 360 365  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
 370 375 380  
 Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr  
 385 390 395 400  
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn

405 410 415  
 Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu  
 420 425 430  
 Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser  
 435 440 445  
 Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln  
 450 455 460  
 Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480  
 Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 485 490

<210> 541

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-55

<400> 541

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 542

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-55

<400> 542

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1                      5                      10                      15

Val Lys Gly

<210> 543

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-55

<400> 543

Asp Gly Tyr His

1

<210> 544

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-55

<400> 544

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1                      5                      10

<210> 545

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-55

<400> 545

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1                      5

<210> 546

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-55

<400> 546

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 547

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-55

<400> 547

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ser Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Glu Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 548

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-55

<400> 548

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

1 5 10 15

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



					20						25						30					
Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	Ala	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile							
					35						40						45					
Tyr	Asn	Ala	Asn	Ser	Leu	His	Thr	Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly							
					50						55						60					
Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	Ile	Ser	Asn	Leu	Gln	Pro							
					65						70						75					
Glu	Asp	Glu	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Glu	Glu	Thr	Leu	Lys	Tyr	Pro	Tyr							
					85						90						95					

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 549

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-55 scFv

<400> 549

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

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

35				40				45							
Ala	Gln	Ile	Thr	Ala	Lys	Ser	Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Ala
50				55				60							
Pro	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr
65				70				75				80			
Leu	Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Lys	Glu	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr
85				90				95							
Tyr	Cys	Thr	Asp	Asp	Gly	Tyr	His	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125  
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
130 135 140  
Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
145 150 155 160  
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
165 170 175  
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe  
180 185 190  
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu  
195 200 205  
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr  
210 215 220  
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
225 230 235  
<210> 550  
<211> 492  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-55 HL x CD3 HL bispecific molecule  
<400> 550  
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ser Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
20 25 30  
Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala  
50 55 60  
Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Glu Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95  
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
 100 105 110  
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
 130 135 140  
 Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
 145 150 155 160  
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 165 170 175  
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe  
 180 185 190  
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu  
 195 200 205  
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr  
 210 215 220  
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly  
 225 230 235 240  
 Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln  
 245 250 255  
 Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe  
 260 265 270  
 Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu  
 275 280 285  
 Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr  
 290 295 300  
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser  
 305 310 315 320  
 Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr

325                      330                      335  
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile  
 340                      345                      350  
 Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
  
 355                      360                      365  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
 370                      375                      380  
 Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn  
 405                      410                      415  
 Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu  
  
 420                      425                      430  
 Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser  
 435                      440                      445  
 Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln  
 450                      455                      460  
 Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg  
 465                      470                      475                      480  
 Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485                      490  
 <210> 551  
 <211> 5  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR1 of BCMA-56  
 <400> 551  
 Asn Ala Trp Met Asp  
 1                      5  
 <210> 552  
 <211> 19  
 <212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-56

<400> 552

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 553

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-56

<400> 553

Asp Gly Tyr His

1

<210> 554

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-56

<400> 554

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 555

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-56

<400> 555

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 556

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-56

<400> 556

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 557

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-56

<400> 557

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 558

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-56

<400> 558

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 559

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-56 scFv

<400> 559

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

85 90 95  
Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
100 105 110  
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125  
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
130 135 140  
Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
145 150 155 160  
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
165 170 175  
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190  
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu  
195 200 205  
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr  
210 215 220  
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
225 230 235

<210> 560

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-56 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 560

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
20 25 30  
Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Glu



50	55	60
Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr		
65	70	75
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr		
	85	90
Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr		95
	100	105
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly		110
	115	120
		125
Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser		
	130	135
Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg		140
145	150	155
Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu		
	165	170
Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe		175
	180	185
		190
Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Leu		
	195	200
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr		205
	210	215
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly		220
225	230	235
Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln		240
	245	250
		255
Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe		
	260	265
Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu		270
	275	280
Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr		285
	290	295
		300

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser  
305 310 315 320

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr  
325 330 335

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile  
340 345 350

Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
355 360 365

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
370 375 380

Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr  
385 390 395 400

Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn  
405 410 415

Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu  
420 425 430

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

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln  
450 455 460

Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg  
465 470 475 480

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
485 490

<210> 561

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-57

<400> 561

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 562

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-57

<400> 562

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 563

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-57

<400> 563

Asp Gly Tyr His

1

<210> 564

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-57

<400> 564

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 565

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-57

<400> 565

Asn Ala Asn Ser Leu His Thr

1 5

<210> 566

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-57

<400> 566

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 567

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-57

<400> 567

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 568

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-57

<400> 568

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

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

65 70 75 80  
Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr  
85 90 95  
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 569

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-57 scFv

<400> 569

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15  
  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala  
20 25 30  
Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile  
35 40 45  
Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50                      55                      60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65                      70                      75                      80  
  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
                          85                      90                      95  
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
                          100                      105                      110  
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
                          115                      120                      125  
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
                          130                      135                      140  
  
 Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ala Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
 145                      150                      155                      160  
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
                          165                      170                      175  
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe  
                          180                      185                      190  
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu  
                          195                      200                      205  
  
 Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr  
                          210                      215                      220  
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 225                      230                      235  
 <210> 570  
 <211> 492  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-57 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 570  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu  
 1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

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

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Ile Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr

210 215 220

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

225 230 235 240

Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

245 250 255

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

260 265 270  
Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

275 280 285  
Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

290 295 300

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

305 310 315 320

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr

325 330 335

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile

340 345 350  
Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

355 360 365

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

370 375 380

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

385 390 395 400

Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn

405 410 415  
Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

420 425 430

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

435 440 445

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln

450 455 460

Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

465 470 475 480

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 571

<211> 5



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-58

<400> 571

Asn Ala Trp Met Asp

1 5

<210> 572

<211> 19

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-58

<400> 572

Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala Pro

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 573

<211> 4

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-58

<400> 573

Asp Gly Tyr His

1

<210> 574

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-58

<400> 574

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 575

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-58

<400> 575

Asn Ala Asn Ser Leu His Ser

1 5

<210> 576

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-58

<400> 576

Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 577

<211> 115

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-58

<400> 577

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
100 105 110

Val Ser Ser  
115

<210> 578

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-58

<400> 578

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

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 579

<211> 237

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-58 scFv

<400> 579

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

20 25 30  
 Trp Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Ile  
  
 35 40 45  
 Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala  
 50 55 60  
 Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr  
 65 70 75 80  
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95  
 Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr  
  
 100 105 110  
 Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser  
 130 135 140  
 Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Lys Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Arg  
 145 150 155 160  
 Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
  
 165 170 175  
 Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe  
 180 185 190  
 Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met  
 195 200 205  
 Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr  
 210 215 220  
 Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 580

<211> 492

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-58 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 580

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ala Gln Ile Thr Ala Lys Ser Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Ala

50 55 60

Pro Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Lys Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Thr Asp Asp Gly Tyr His Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

165 170 175

Leu Ile Tyr Asn Ala Asn Ser Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe

180 185 190

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Glu Gly Thr Tyr Tyr Cys Glu Glu Thr Leu Lys Tyr

210 215 220

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

225                      230                      235                      240  
 Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln  
                          245                      250                      255  
 Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe  
                          260                      265                      270  
 Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu  
                          275                      280                      285  
 Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr  
  
                          290                      295                      300  
 Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser  
 305                      310                      315                      320  
 Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr  
                          325                      330                      335  
 Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile  
                          340                      345                      350  
 Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
  
                          355                      360                      365  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln  
                          370                      375                      380  
 Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn  
                          405                      410                      415  
 Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu  
  
                          420                      425                      430  
 Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser  
                          435                      440                      445  
 Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln  
                          450                      455                      460  
 Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg  
 465                      470                      475                      480

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485

490

<210> 581

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-59

<400> 581

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 582

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-59

<400> 582

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

1 5 10 15

Gly

<210> 583

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><

223> VH CDR3 of BCMA-59

<400> 583

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

1 5 10

<210> 584

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-59

<400> 584

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 585

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-59

<400> 585

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 586

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-59

<400> 586

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 587

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-59

<400> 587

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60



Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

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

<210> 588

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-59

<400> 588

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

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

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

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

<210> 589

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-59 scFv

<400> 589

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225	230	235	240
Asp Ile Lys			
<210>	590		
<211>	498		
<212>	PRT		
<213>	artificial		
<220><223>	BCMA-59 HL x CD3 HL bispecific molecule		
<400>	590		
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg			
1	5	10	15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr			
	20	25	30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val			
	35	40	45
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val			
50	55	60	
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr			
65	70	75	80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys			
	85	90	95
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly			
	100	105	110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly			
115	120	125	
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro			
130	135	140	
Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys			
145	150	155	160
Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro			
	165	170	175
Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr			

180 185 190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
 225 230 235 240  
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
  
 290 295 300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420 425 430

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

485 490 495  
 Val Leu

<210> 591

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-60

<400> 591

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 592

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-60

<400> 592

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

1 5 10 15

Gly

<210> 593

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-60

<400> 593

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

1 5 10

<210> 594

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-60

<400> 594

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 595

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-60

<400> 595

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 596

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-60

<400> 596

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 597

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-60

<400> 597

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1                    5                    10                    15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
                   20                    25                    30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
                   35                    40                    45  
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
                   50                    55                    60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                    70                    75                    80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   85                    90                    95

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

<210> 598

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-60

<400> 598

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

Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile  
                   35                    40                    45  
 Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly  
                   50                    55                    60  
 Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser  
 65                    70                    75                    80  
 Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe

85                                      90                                      95  
 Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys  
 100                                      105  
 <210> 599  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-60 scFv  
 <400> 599  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1                                      5                                      10                                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
 20                                      25                                      30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35                                      40                                      45  
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
 50                                      55                                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                                      70                                      75                                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85                                      90                                      95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
 100                                      105                                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115                                      120                                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130                                      135                                      140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
 145                                      150                                      155                                      160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165                                      170                                      175



Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
180 185 190  
Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr  
195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
210 215 220  
Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Asp Ile Lys

<210> 600

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-60 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 600

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

35 40 45  
Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Arg Glu Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

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

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

485 490 495  
 Val Leu

<210> 601

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-61

<400> 601

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 602

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-61

<400> 602

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

1 5 10 15

Gly

<210> 603

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-61

<400> 603

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

1 5 10

<210> 604

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-61

<400> 604

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 605

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-61

<400> 605

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 606

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-61

<400> 606

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 607

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-61

<400> 607

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 608

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-61

<400> 608

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105

<210> 609

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-61 scFv

<400> 609

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Val Thr Leu Ser Cys Lys  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
 Asp Ile Lys

<210> 610

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-61 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 610

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

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

Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr				
65					70					75					80				
Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
85					90					95									
Val	Arg	His	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Ser	Tyr	Gly	Phe	Ala	Tyr	Trp	Gly				
100					105					110									
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly				
115					120					125									
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Ile	Val	Met	Thr	Gln	Ser	Pro				
130					135					140									
Ala	Thr	Leu	Ser	Val	Ser	Pro	Gly	Glu	Arg	Val	Thr	Leu	Ser	Cys	Lys				
145					150					155					160				
Ala	Ser	Gln	Ser	Val	Gly	Ile	Asn	Val	Asp	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro				
165					170					175									
Gly	Gln	Ala	Pro	Arg	Leu	Leu	Ile	Tyr	Gly	Ala	Ser	Asn	Arg	His	Thr				
180					185					190									
Gly	Ile	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Glu	Phe	Thr				
195					200					205									
Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Ser	Glu	Asp	Phe	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys				
210					215					220									
Leu	Gln	Tyr	Gly	Ser	Ile	Pro	Phe	Thr	Phe	Gly	Pro	Gly	Thr	Lys	Val				
225					230					235					240				
Asp	Ile	Lys	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser				
245					250					255									
Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Cys	Ala				
260					265					270									
Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Asn	Lys	Tyr	Ala	Met	Asn	Trp	Val	Arg	Gln				
275					280					285									
Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Arg	Ile	Arg	Ser	Lys	Tyr				
290					295					300									
Asn	Asn	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Asp	Arg	Phe	Thr				



305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                                  325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                                  340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
                                  355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
                                  405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
                                  420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
                                  435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
                                  450                      455                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
                                  485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 611

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-62

<400> 611

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5  
 <210> 612  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR2 of BCMA-62  
 <400> 612

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

1 5 10 15

Gly

<210> 613  
 <211> 12  
 <212>  
 > PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VH CDR3 of BCMA-62  
 <400> 613

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

1 5 10

<210> 614  
 <211> 11  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VL CDR1 of BCMA-62  
 <400> 614

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp

1 5 10

<210> 615  
 <211> 7  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VL CDR2 of BCMA-62  
 <400> 615

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 616

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-62

<400> 616

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 617

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-62

<400> 617

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

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

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 618

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-62

<400> 618

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala

65 70 75 80

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

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys

100 105

<210> 619

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-62 scFv

<400> 619

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
                          100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                          115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
                          130                      135                      140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys  
 145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
                          165                      170                      175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
                          180                      185                      190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
                          195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          210                      215                      220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Asp Ile Lys

<210> 620

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-62 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 620

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1                    5                    10                    15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
                   20                    25                    30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
                   35                    40                    45  
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
                   50                    55                    60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                    70                    75                    80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   85                    90                    95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
                   100                    105                    110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                   115                    120                    125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro  
                   130                    135                    140  
 Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Lys  
 145                    150                    155                    160  
 Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
                   165                    170                    175  
 Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr  
                   180                    185                    190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr  
                   195                    200                    205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   210                    215                    220  
 Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
  
                   225                    230                    235                    240  
 Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                   245                    250                    255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 621

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-63

<400> 621

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 622

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-63

<400> 622

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

1 5 10 15

Gly

<210> 623

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-63

<400> 623

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 624

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-63

<400> 624

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala



1 5 10

<210> 625

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-63

<400> 625

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 626

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-63

<400> 626

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 627

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-63

<400> 627

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 628

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-63

<400> 628

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

Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly  
20 25 30

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

Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 629

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-63 scFv

<400> 629

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
                     20                      25                      30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
                     35                      40                      45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
                     50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                     85                      90                      95  
 Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
                     100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                     115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
                     130                      135                      140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
                     165                      170                      175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp  
                     180                      185                      190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
                     195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
                     210                      215                      220  
 Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys

<210> 630

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-63 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 630

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210                      215                      220  
 Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275                      280                      285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
  
 290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
 340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                      440                      445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480

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

485 490 495

Val Leu

<210> 631

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-64

<400> 631

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 632

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-64

<400> 632

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

1 5 10 15

Gly

<210> 633

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-64

<400> 633

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 634

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-64

<400> 634

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 635

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-64

<400> 635

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 636

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-64

<400> 636

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 637

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-64

<400> 637

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 638

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-64

<400> 638

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu

85 90 95



Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100

105

<210> 639

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-64 scFv

<400> 639

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

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

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 640

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-64 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 640

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145                      150                      155                      160  
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
                     165                      170                      175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp  
                     180                      185                      190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
                     195                      200                      205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
                     210                      215                      220  
 Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
                     245                      250                      255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
                     260                      265                      270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
                     275                      280                      285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
  
                     290                      295                      300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305                      310                      315                      320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
                     325                      330                      335  
 Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
                     340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
                     355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
                     370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
                          405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

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

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 641

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-65

<400> 641

Asn Tyr Asp Met Ala

1                      5

<210> 642

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-65

<400> 642

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

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 643

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-65

<400> 643

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 644

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-65

<400> 644

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 645

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-65

<400> 645

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 646

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-65

<400> 646

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 647

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-65

<400> 647

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 648

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-65

<400> 648

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 649

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-65 scFv

<400> 649

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

35 40 45  
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
 Glu Ile Lys

<210> 650

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-65 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 650

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

35 40 45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys



85 90 95  
 Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser  
 245 250 255  
 Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala  
 260 265 270  
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln  
 275 280 285  
 Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr  
 290 295 300  
 Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
 305 310 315 320  
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
 325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Val Leu

<210> 651

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-66

<400> 651

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 652

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-66

<400> 652

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

1 5 10 15

Gly

<210> 653

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-66

<400> 653

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 654

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-66

<400> 654

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 655

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-66

<400> 655

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 656

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-66

<400> 656

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 657

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-66

<400> 657

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 658

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-66

<400> 658

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 659

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-66 scFv

<400> 659

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys

<210> 660

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-66 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 660

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

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

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

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

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

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

485 490 495  
Val Leu

<210> 661

<211> 5



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-67

<400> 661

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 662

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-67

<400> 662

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

1 5 10 15

Gly

<210> 663

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-67

<400> 663

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 664

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-67

<400> 664

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 665

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-67

<400> 665

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 666

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-67

<400> 666

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 667

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-67

<400> 667

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 668

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-67

<400> 668

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

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 669

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-67 scFv

<400> 669

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

20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys

<210> 670

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-67 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 670

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

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

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 671

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-68

<400> 671

Asn Tyr Asp Met Ala

1                      5

<210> 672

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-68

<400> 672

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

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 673

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-68

<400> 673

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1                      5                      10

<210> 674

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-68

<400> 674

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 675

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-68

<400> 675

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 676

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-68

<400> 676

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 677

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-68

<400> 677

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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



35 40 45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

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

<210> 678

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-68

<400> 678

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

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 679

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-68 scFv

<400> 679

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 680

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-68 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 680

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

35 40 45  
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

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

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

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

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

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

485 490 495  
Val Leu

<210> 681

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-69

<400> 681

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 682

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-69

<400> 682

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

1 5 10 15

Gly

<210> 683

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-69

<400> 683

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 684

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-69

<400> 684

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 685

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-69

<400> 685

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 686

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-69

<400> 686

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 687

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-69

<400> 687

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 688

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-69

<400> 688

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 689

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-69 scFv

<400> 689

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

35 40 45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

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



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

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

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

                    210                      215                      220  
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 690

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-69 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 690

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

1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20                      25                      30

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

35                      40                      45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450                      455                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 691

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-70

<400> 691

Asn Tyr Asp Met Ala

1                      5

<210> 692

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-70

<400> 692

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 693

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-70

<400> 693

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 694

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-70

<400> 694

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 695

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-70

<400> 695

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 696

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-70

<400> 696

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 697

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-70

<400> 697

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 698

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-70

<400> 698

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly  
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 699

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-70 of scFv

<400> 699

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 700

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-70 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 700

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln



275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 701

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-71

<400> 701

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 702

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-71

<400> 702

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 703

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-71

<400> 703

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 704

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-71

<400> 704

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 705

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-71

<400> 705

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 706

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-71

<400> 706

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 707

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-71

<400> 707

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 708

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-71

<400> 708

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly  
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 709

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-71 scFv

<400> 709

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 710

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-71 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 710

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 711

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-72

<400> 711

Asn Tyr Asp Met Ala

1                      5

<210> 712

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-72

<400> 712

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 713

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-72

<400> 713

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1                      5                      10

<210> 714

<211> 11



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-72

<400> 714

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 715

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-72

<400> 715

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 716

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-72

<400> 716

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 717

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-72

<400> 717

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 718

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-72

<400> 718

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly  
 20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 719

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-72 scFv

<400> 719

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 720  
<211> 498  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-72 HL x CD3 HL bispecific molecule  
<400> 720  
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
35 40 45  
Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Gly Pro His Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 721

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-73

<400> 721

Asn Tyr Asp Met Ala

1 5

<210> 722

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-73

<400> 722

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 723

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-73

<400> 723

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 724

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-73

<400> 724

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala

1 5 10

<210> 725

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-73

<400> 725

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 726

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-73

<400> 726

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr

1 5

<210> 727

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-73

<400> 727

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 728

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-73

<400> 728

Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly



50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 729

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-73 scFv

<400> 729

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
 20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
 Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

                    195                      200                      205  
Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 730

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-73 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 730

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20                      25                      30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35                      40                      45

Ser Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Ser Arg Asn Tyr Gln Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 731

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-74

<400> 731

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 732

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-74

<400> 732

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 733

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-74

<400> 733

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 734

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-74

<400> 734

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 735

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of VL CDR2

<400> 735

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 736

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-74

<400> 736

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 737

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-74

<400> 737

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 738

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-74

<400> 738

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 739

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-74 scFv

<400> 739

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 740

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-74 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 740

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30



Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275                      280                      285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290                      295                      300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305                      310                      315                      320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325                      330                      335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340                      345                      350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355                      360                      365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370                      375                      380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385                      390                      395                      400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405                      410                      415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420                      425                      430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435                      440                      445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450                      455                      460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465                      470                      475                      480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485                      490                      495  
Val Leu

<210> 741

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-75

<400> 741

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 742

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-75

<400> 742

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 743

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-75

<400> 743

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 744

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-75

<400> 744

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 745

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-75

<400> 745

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 746

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-75

<400> 746

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 747

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-75

<400> 747

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 748

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-75

<400> 748

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 749

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-75 scFv

<400> 749

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45  
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 750

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-75 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 750

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val



465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 751

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-76

<400> 751

Asn Phe Asp Met Ala

1                      5

<210> 752

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-76

<400> 752

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 753

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-76

<400> 753

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 754

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-76

<400> 754

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 755

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-76

<400> 755

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 756

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-76

<400> 756

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 757

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-76

<400> 757

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 758

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-76

<400> 758

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 759

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-76 scFv

<400> 759

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 760  
<211> 498  
<212> PRT  
<213> artificial  
<220><223> BCMA-76 HL x CD3 HL bispecific molecule  
<400> 760  
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
35 40 45  
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 761

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-77

<400> 761

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 762

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of VH CDR2

<400> 762

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 763

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-77

<400> 763

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 764

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-77

<400> 764

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 765

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-77

<400> 765

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 766

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-77

<400> 766

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 767

<211> 121

<212> PRT



<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-77

<400> 767

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 768

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-77

<400> 768

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 769

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-77 scFv

<400> 769

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
 20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

                    195                      200                      205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 770

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-77 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 770

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20                      25                      30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35                      40                      45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Met Gly Gln Thr Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450                      455                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 771

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-78

<400> 771

Asn Phe Asp Met Ala

1                      5

<210> 772

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-78

<400> 772

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 773

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-78

<400> 773

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 774

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-78

<400> 774

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 775

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-78

<400> 775

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 776

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-78

<400> 776

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 777

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-78

<400> 777

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 778

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-78

<400> 778

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His  
20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 779

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-78 scFv

<400> 779

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys



85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 780

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-78 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 780

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275                      280                      285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290                      295                      300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305                      310                      315                      320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325                      330                      335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340                      345                      350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355                      360                      365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370                      375                      380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385                      390                      395                      400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405                      410                      415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420                      425                      430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435                      440                      445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450                      455                      460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465                      470                      475                      480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485                      490                      495  
Val Leu

<210> 781

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-79

<400> 781

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 782

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-79

<400> 782

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 783

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-79

<400> 783

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 784

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-79

<400> 784

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 785

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-79

<400> 785

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 786

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-79

<400> 786

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 787

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-79

<400> 787

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 788

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-79

<400> 788

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 789

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-79 scFv

<400> 789

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys

<210> 790

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-79 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 790

```

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1           5           10           15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
           20           25           30
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

           35           40           45
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
           50           55           60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65           70           75           80
Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
           85           90           95
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

           100           105           110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
           115           120           125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro
           130           135           140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg
145           150           155           160
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

           165           170           175
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser
           180           185           190
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr
           195           200           205
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
           210           215           220

```



Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
Val Leu

<210> 791

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-80

<400> 791

Asn Phe Asp Met Ala

1                      5

<210> 792

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-80

<400> 792

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 793

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-80

<400> 793

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 794

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-80

<400> 794

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 795

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-80

<400> 795

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 796

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-80

<400> 796

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 797

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-80

<400> 797

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 798

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-80

<400> 798

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His  
 20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 799

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-80 scFv

<400> 799

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 800

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-80 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 800

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45  
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 801

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-81

<400> 801

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 802

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-81

<400> 802

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 803

<211> 12



<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-81

<400> 803

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 804

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-81

<400> 804

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 805

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-81

<400> 805

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 806

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-81

<400> 806

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr

1 5

<210> 807

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-81

<400> 807

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 808

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-81

<400> 808

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50                      55                      60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65                      70                      75                      80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr  
                          85                      90                      95  
  
 Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
                          100                      105  
 <210> 809  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-81 scFv  
 <400> 809  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
                          20                      25                      30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
                          35                      40                      45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                          50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
  
                          100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                          115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
                          130                      135                      140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

                    195                      200                      205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 810

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-81 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 810

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20                      25                      30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35                      40                      45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Phe Asp Arg Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 811

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-82

<400> 811

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 812

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-82

<400> 812

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 813

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-82

<400> 813

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 814

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-82

<400> 814

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 815

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-82

<400> 815

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 816

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-82

<400> 816

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 817

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-82

<400> 817

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 818

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-82



<400> 818

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His

20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 819

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-82 scFv

<400> 819

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 820

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-82 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 820

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Arg Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 821

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-83

<400> 821

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 822

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-83

<400> 822

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 823

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-83

<400> 823

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 824

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-83

<400> 824

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 825

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-83

<400> 825

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 826

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-83

<400> 826

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 827

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-83

<400> 827

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 828

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-83

<400> 828

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 829

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-83 scFv

<400> 829

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys

<210> 830

<211> 498



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-83 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 830

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
Val Leu

<210> 831

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-84

<400> 831

Asn Phe Asp Met Ala

1                      5

<210> 832

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-84

<400> 832

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 833

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-84

<400> 833

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 834

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-84

<400> 834

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn

1 5 10

<210> 835

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-84

<400> 835

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 836

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-84

<400> 836

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 837

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-84

<400> 837

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 838

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-84

<400> 838

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 839

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-84 scFv

<400> 839

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 840

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-84 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 840

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45  
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Tyr Ser Asn Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly



405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 841

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-85

<400> 841

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 842

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-85

<400> 842

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 843

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-85

<400> 843

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 844

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-85

<400> 844

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 845

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-85

<400> 845

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 846

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-85

<400> 846

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 847

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-85

<400> 847

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 848

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-85

<400> 848

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 849

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-85 scFv

<400> 849

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
 20 25 30  
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

                    195                      200                      205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 850

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-85 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 850

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1                      5                      10                      15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20                      25                      30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35                      40                      45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450                      455                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 851

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-86

<400> 851

Asn Phe Gly Met Asn

1                      5

<210> 852

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-86

<400> 852

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 853

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-86

<400> 853

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 854

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-86

<400> 854

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 855

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-86

<400> 855

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 856

<211> 9



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-86

<400> 856

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 857

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-86

<400> 857

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 858

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-86

<400> 858

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 859

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-86 scFv

<400> 859

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 860

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-86 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 860

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50

55

60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65

70

75

80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85

90

95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 861

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-87

<400> 861

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 862

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-87

<400> 862

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 863

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-87

<400> 863

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 864

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-87

<400> 864

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 865

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-87

<400> 865

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 866

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-87

<400> 866

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 867

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-87

<400> 867

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 868

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-87

<400> 868

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 869

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-87 scFv

<400> 869

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe



20 25 30  
Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80  
Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220  
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 870

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-87 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 870

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                    485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 871

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-88

<400> 871

Asn Phe Gly Met Asn

1                      5

<210> 872

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-88

<400> 872

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 873

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-88

<400> 873

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 874

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-88

<400> 874

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 875

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-88

<400> 875

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 876

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-88

<400> 876

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 877

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-88

<400> 877

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 878

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-88

<400> 878

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 879

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-88 scFv

<400> 879

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 880

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-88 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 880

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
20 25 30  
Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro  
130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160



Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 881

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-89

<400> 881

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 882

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-89

<400> 882

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 883

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-89

<400> 883

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 884

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-89

<400> 884

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 885

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-89

<400> 885

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 886

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-89

<400> 886

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 887

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-89

<400> 887

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 888

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-89

<400> 888

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50                      55                      60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
 65                      70                      75                      80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp  
                          85                      90                      95  
  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
                          100                      105  
 <210> 889  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-89 scFv  
 <400> 889  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
                          20                      25                      30  
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
  
                          35                      40                      45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
                          50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
  
                          100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                          115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
                          130                      135                      140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

                    195                      200                      205  
Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 890

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-89 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 890

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1                      5                      10                      15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20                      25                      30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35                      40                      45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 891

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-90

<400> 891

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 892

<211> 17

<212> PRT



<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-90

<400> 892

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 893

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-90

<400> 893

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 894

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-90

<400> 894

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 895

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-90

<400> 895

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 896

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-90

<400> 896

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 897

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-90

<400> 897

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 898

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-90

<400> 898

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 899

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-90 scFv

<400> 899

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 900

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-90 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 900

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50

55

60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65

70

75

80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210

215

220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 901

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-91

<400> 901

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 902

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-91

<400> 902

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 903

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-91

<400> 903

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 904

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-91

<400> 904

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 905

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-91

<400> 905

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 906

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-91

<400> 906

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 907

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-91

<400> 907

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95



Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 908

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-91

<400> 908

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 909

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-91 scFv

<400> 909

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30  
Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80  
Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220  
Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 910

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-91 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 910

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln Ser Phe Ala Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 911

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-92

<400> 911

Asn Phe Gly Met Asn

1                      5

<210> 912

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-92

<400> 912

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 913

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-92

<400> 913

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 914

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-92

<400> 914

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 915

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-92

<400> 915

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 916

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-92

<400> 916

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 917

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-92

<400> 917

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 918

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-92

<400> 918

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 919

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-92 scFv

<400> 919

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys



210                      215                      220  
 Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys  
  
 <210> 920  
 <211> 498  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-92 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 920  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
                     20                      25                      30  
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
  
                     35                      40                      45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
                     50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                     85                      90                      95  
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
  
                     100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                     115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
                     130                      135                      140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145                      150                      155                      160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 921

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-93

<400> 921

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 922

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-93

<400> 922

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 923

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-93

<400> 923

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 924

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-93

<400> 924

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 925

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-93

<400> 925

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 926

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-93

<400> 926

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 927

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-93

<400> 927

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 928

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-93

<400> 928

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 929

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-93 scFv

<400> 929

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
 20 25 30  
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

                    195                      200                      205  
Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 930

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-93 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 930

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1                      5                      10                      15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20                      25                      30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35                      40                      45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85                      90                      95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Leu Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn



340 345 350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355 360 365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370 375 380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385 390 395 400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420 425 430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435 440 445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450 455 460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465 470 475 480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485 490 495  
 Val Leu

<210> 931

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-94

<400> 931

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 932

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-94

<400> 932

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 933

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-94

<400> 933

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 934

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-94

<400> 934

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 935

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-94

<400> 935

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 936

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-94

<400> 936

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 937

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-94

<400> 937

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 938

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-94

<400> 938

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln  
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 939

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-94 scFv

<400> 939

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220  
Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 940

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-94 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 940

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50

55

60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Asp Thr Ser Val Thr Thr Ala Tyr

65

70

75

80

Leu Gln Ile Asn Ser Leu Lys Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85

90

95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100

105

110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115

120

125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130

135

140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145

150

155

160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165

170

175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180

185

190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195

200

205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210

215

220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225

230

235

240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245

250

255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260

265

270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 941

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-95

<400> 941

Asn Phe Gly Met Asn

1 5

<210> 942

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-95

<400> 942

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 943

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-95

<400> 943

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 944

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-95

<400> 944

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 945

<211> 7



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-95

<400> 945

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 946

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-95

<400> 946

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 947

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-95

<400> 947

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 948

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-95

<400> 948

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
100 105

<210> 949

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-95 scFv

<400> 949

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
1 5 10 15  
Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30  
Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80  
Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220  
Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 950

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-95 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 950

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln His Phe Arg Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 951

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-96

<400> 951

Asn Phe Gly Met Asn

1                      5

<210> 952

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-96

<400> 952

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 953

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-96

<400> 953

Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 954

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-96

<400> 954

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 955

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-96

<400> 955

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 956

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-96

<400> 956

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 957

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-96

<400> 957

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 958

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-96

<400> 958

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 959



<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-96 of scFv

<400> 959

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210                      215                      220  
 Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Ile Lys  
  
 <210> 960  
 <211> 498  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-96 HL x CD3 HL bispecific molecule  
 <400> 960  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ser Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ala  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Phe  
                     20                      25                      30  
 Gly Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
  
                     35                      40                      45  
 Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Ser Ile Tyr Ala Asp Asp Phe  
                     50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Ser Asp Thr Ser Val Ser Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Ile Asn Asn Leu Lys Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                     85                      90                      95  
 Ala Arg Gly Gly Val Tyr Gly Gly Tyr Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly  
  
                     100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                     115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
                     130                      135                      140  
 Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg  
 145                      150                      155                      160

Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Phe Thr Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 961

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-97

<400> 961

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 962

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-97

<400> 962

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 963

<211> 12

<212

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-97

<400> 963

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 964

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-97

<400> 964

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 965

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-97

<400> 965

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 966

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-97

<400> 966

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 967

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-97

<400> 967

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 968

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-97

<400> 968

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50                      55                      60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65                      70                      75                      80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr  
                          85                      90                      95  
  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
                          100                      105  
 <210> 969  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-97 scFv  
 <400> 969  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
                          20                      25                      30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
  
                          35                      40                      45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                          50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
  
                          100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                          115                      120                      125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
                          130                      135                      140  
 Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                      150                      155                      160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                    165                      170                      175  
Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

                    180                      185                      190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

                    195                      200                      205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

                    210                      215                      220  
Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225                      230                      235                      240  
Glu Ile Lys

<210> 970

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-97 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 970

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20                      25                      30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35                      40                      45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50                      55                      60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65                      70                      75                      80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95



Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340                      345                      350  
 Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
  
 355                      360                      365  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
 370                      375                      380  
 Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
 405                      410                      415  
 Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly  
  
 420                      425                      430  
 Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
 435                      440                      445  
 Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
 450                      455                      460  
 Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
 465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
  
 485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 971

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-98

<400> 971

Asn Phe Asp Met Ala

1                      5

<210> 972

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-98

<400> 972

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 973

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-98

<400> 973

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 974

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-98

<400> 974

Arg Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 975

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-98

<400> 975

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 976

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-98

<400> 976

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 977

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-98

<400> 977

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 978

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-98

<400> 978

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile  
35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 979

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-98 scFv

<400> 979

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr  
65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140  
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160  
Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 980

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-98 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 980

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Asn Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285  
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300  
Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr  
305 310 315 320  
Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn  
325 330 335  
Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn  
340 345 350  
Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser  
370 375 380  
Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr  
385 390 395 400  
Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly  
405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly  
435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu  
450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val  
465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 981

<211> 5



<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-99

<400> 981

Asn Phe Asp Met Ala

1 5

<210> 982

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-99

<400> 982

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 983

<211> 12

<212>

> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-99

<400> 983

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 984

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-99

<400> 984

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 985

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-99

<400> 985

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 986

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-99

<400> 986

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 987

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-99

<400> 987

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 988

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-99

<400> 988

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn  
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr  
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 989

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-99 scFv

<400> 989

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
  
 35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140  
 Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160  
 Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
  
 165 170 175  
 Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu  
  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Lys

<210> 990

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-99 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 990

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe  
20 25 30  
Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val  
35 40 45  
Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
115 120 125  
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro  
130 135 140  
Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
145 150 155 160  
Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
165 170 175  
Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser  
180 185 190  
Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr  
195 200 205  
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
210 215 220

Gln Gln Phe Thr Ser Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465                      470                      475                      480  
 Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

                         485                      490                      495  
 Val Leu

<210> 991

<211> 5

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-100

<400> 991

Asn Phe Asp Met Ala

1                      5

<210> 992

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-100

<400> 992

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                      5                      10                      15

Gly

<210> 993

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-100

<400> 993

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1                      5                      10

<210> 994

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-100

<400> 994

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 995

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-100

<400> 995

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 996

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-100

<400> 996

Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr Thr

1 5

<210> 997

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-100

<400> 997

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val



35 40 45  
 Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 998

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-100

<400> 998

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn  
 20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr  
 85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 999

<211> 243

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-100 scFv

<400> 999

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220  
Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240  
Glu Ile Lys

<210> 1000

<211> 498

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-100 HL x CD3 HL bispecific molecule

<400> 1000

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Val Trp Val

35 40 45

Ser Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro

130 135 140

Ser Ser Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Lys Ala Pro Lys Ser Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

180 185 190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

210 215 220

Gln Gln Phe Ala His Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu

225 230 235 240

Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

245 250 255

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala

260 265 270

Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln

275 280 285

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr

290 295 300

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

305 310 315 320

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

325 330 335

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

340 345 350

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

355 360 365

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

385 390 395 400

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

405 410 415  
Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

420 425 430  
Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

435 440 445  
Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

450 455 460  
Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

465 470 475 480  
Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

485 490 495  
Val Leu

<210> 1001

<211> 555

<212> DNA

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(555)

<223> human BCMA

<400> 1001

atgttgca tgctgggca gtgctcccaa aatgaatatt ttgacagttt gttgcatgct 60  
tgcatacctt gtcaacttcg atgttcttct aatactcctc ctctaacatg tcagcggtat 120  
tgtaatgcaa gtgtgaccaa ttcagtgaag ggaacgaatg cgattctctg gacctgtttg 180  
ggactgagct taataatttc ttggcagtt ttcgtgctaa tgtttttgct aaggaagata 240

aactctgaac cattaagga cgagtttaaa aacacaggat caggtctcct gggcatggct 300  
aacattgacc tggaaaagag caggactggg gatgaaatta ttcttcgag aggcctcgag 360  
tacacggtgg aagaatgcac ctgtgaagac tgcataca gcaaaccgaa ggtcgactct 420  
gaccattgct ttccactccc agctatggag gaaggcgcaa ccattcttgt caccacgaaa 480  
acgaatgact attgcaagag cctgccagct gctttgagtg ctacggagat agagaaatca 540  
atttctgcta ggtaa 555

<210> 1002

<211> 184

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(184)

<223> human BCMA

<400> 1002

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala Ile Leu Trp Thr Cys Leu Gly Leu Ser Leu

50 55 60

Ile Ile Ser Leu Ala Val Phe Val Leu Met Phe Leu Leu Arg Lys Ile

65 70 75 80

Asn Ser Glu Pro Leu Lys Asp Glu Phe Lys Asn Thr Gly Ser Gly Leu

85 90 95

Leu Gly Met Ala Asn Ile Asp Leu Glu Lys Ser Arg Thr Gly Asp Glu

100 105 110

Ile Ile Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys

115 120 125

Glu Asp Cys Ile Lys Ser Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe

130 135 140

Pro Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys

145 150 155 160

Thr Asn Asp Tyr Cys Lys Ser Leu Pro Ala Ala Leu Ser Ala Thr Glu

165 170 175

Ile Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg

180

<210> 1003

<211> 558

<212> DNA

<213> mouse

<220><221> misc

<222> (1)..(558)

<223> mouse BCMA

<400> 1003

```

atggcgcaac agtgtttcca cagtgaatat ttgacagtc tgctgcatgc ttgcaaaccg      60
tgtcacttgc gatgttccaa cctcctgca acctgtcagc cttactgtga tccaagcgtg      120
accagttcag tgaagggac gtacacggtg ctctggatct tcttggggct gaccttggtc      180
ctctctttgg cacttttcac aatctcattc ttgctgagga agatgaaccc cgaggccctg      240
aaggacgagc ctcaaagccc aggtcagctt gacggatcgg ctgagctgga caaggccgac      300

accgagctga ctaggatcag ggctgggtgac gacaggatct ttccccgaag cctggagtat      360
acagtggaag agtgcacctg tgaggactgt gtcaagagca aaccaagggt ggattctgac      420
catttcttcc cgcttcacgc catggaggag ggggcaacca ttcttgtcac cacaaaaacg      480
ggtgactacg gcaagtcaag tgtgccaact gctttgcaaa gtgtcatggg gatggagaag      540
ccaactcaca ctagataa                                     558

```

<210> 1004

<211> 185

<212> PRT

<213> mouse

<220><221> misc

<222> (1)..(185)

<223> mouse BCMA

<400> 1004

```

Met Ala Gln Gln Cys Phe His Ser Glu Tyr Phe Asp Ser Leu Leu His
1           5           10           15
Ala Cys Lys Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Asn Pro Pro Ala Thr Cys
          20           25           30
Gln Pro Tyr Cys Asp Pro Ser Val Thr Ser Ser Val Lys Gly Thr Tyr
          35           40           45
Thr Val Leu Trp Ile Phe Leu Gly Leu Thr Leu Val Leu Ser Leu Ala

```

50

55

60

Leu Phe Thr Ile Ser Phe Leu Leu Arg Lys Met Asn Pro Glu Ala Leu

65 70 75 80

Lys Asp Glu Pro Gln Ser Pro Gly Gln Leu Asp Gly Ser Ala Gln Leu

85 90 95

Asp Lys Ala Asp Thr Glu Leu Thr Arg Ile Arg Ala Gly Asp Asp Arg

100 105 110

Ile Phe Pro Arg Ser Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys Glu

115 120 125

Asp Cys Val Lys Ser Lys Pro Lys Gly Asp Ser Asp His Phe Phe Pro

130 135 140

Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys Thr

145 150 155 160

Gly Asp Tyr Gly Lys Ser Ser Val Pro Thr Ala Leu Gln Ser Val Met

165 170 175

Gly Met Glu Lys Pro Thr His Thr Arg

180 185

<210> 1005

<211> 552

<212> DNA

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(552)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1005

atgttgacaga tggctcggca gtgctcccaa aatgaatatt ttgacagttt gttgcatgat 60

tgcaaacctt gtcaacttcg atgttctagt actcctcctc taacatgtca gcgttattgc 120

aatgcaagta tgaccaattc agtgaaagga atgaatgcga ttctctggac ctgtttggga 180

ctgagcttga taatttcttt ggcagttttc gtgctaactg ttttgctaag gaagatgagc 240

tctgaacctt taaaggatga gtttaaaaac acaggatcag gtctcctggg catggctaac 300

attgacctgg aaaagggcag gactggtgat gaaattgttc ttccaagagg cctggagtac 360



acggtggaag aatgcacctg tgaagactgc atcaagaata aaccaaaggt tgattctgac 420  
cattgctttc cactcccagc catggaggaa ggcgcaacca ttctcgtcac cacgaaaacg 480  
aatgactatt gcaatagcct gtcagctgct ttgagtgtta cggagataga gaaatcaatt 540  
tctgctaggt aa 552

<210> 1006

<211> 183

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(183)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1006

Met Leu Gln Met Ala Arg Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15  
Leu Leu His Asp Cys Lys Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Thr Pro  
20 25 30  
Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Met Thr Asn Ser Val  
35 40 45  
Lys Gly Met Asn Ala Ile Leu Trp Thr Cys Leu Gly Leu Ser Leu Ile  
50 55 60  
Ile Ser Leu Ala Val Phe Val Leu Thr Phe Leu Leu Arg Lys Met Ser

65 70 75 80  
Ser Glu Pro Leu Lys Asp Glu Phe Lys Asn Thr Gly Ser Gly Leu Leu  
85 90 95  
Gly Met Ala Asn Ile Asp Leu Glu Lys Gly Arg Thr Gly Asp Glu Ile  
100 105 110  
Val Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys Glu  
115 120 125  
Asp Cys Ile Lys Asn Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe Pro

130 135 140  
Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys Thr  
145 150 155 160

Asn Asp Tyr Cys Asn Ser Leu Ser Ala Ala Leu Ser Val Thr Glu Ile  
165 170 175

Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg  
180

<210> 1007

<211> 54

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(54)

<223> human BCMA

<400> 1007

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser  
1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr  
20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser  
35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala  
50

<210> 1008

<211> 49

<212> PRT

<213> mouse

<220><221>

> misc

<222> (1)..(49)

<223> mouse BCMA

<400> 1008

Met Ala Gln Gln Cys Phe His Ser Glu Tyr Phe Asp Ser Leu Leu His  
1 5 10 15

Ala Cys Lys Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Asn Pro Pro Ala Thr Cys  
20 25 30

Gln Pro Tyr Cys Asp Pro Ser Val Thr Ser Ser Val Lys Gly Thr Tyr

35 40 45

Thr

<210> 1009

<211> 51

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1009

Met Ala Gln Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser Leu Leu His

1 5 10 15

Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr Pro Pro Leu

20 25 30

Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser Val Lys Gly

35 40 45

Thr Asn Ala

50

<210> 1010

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1010

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Phe His Ser Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala

50

<210> 1011

<211> 52

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1011

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Asn Pro Pro

20 25 30

Ala Thr Cys Gln Pro Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser Val Lys

35 40 45

Gly Thr Asn Ala

50

<210> 1012

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1012

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asp Pro Ser Val Thr Ser Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Tyr Thr

50

<210> 1013

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1013

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser  
 1                    5                    10                    15  
 Leu Leu His Ala Cys Lys Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr  
                   20                    25                    30  
 Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser  
                   35                    40                    45

Val Lys Gly Thr Asn Ala  
 50

<210> 1014

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1014

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser  
 1                    5                    10                    15  
 Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr  
                   20                    25                    30  
 Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser  
                   35                    40                    45

Val Lys Gly Thr Asn Ala  
 50

<210> 1015

<211> 54

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> human/mouse BCMA chimera

<400> 1015

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser  
 1                    5                    10                    15  
 Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr  
                   20                    25                    30  
 Pro Pro Leu Thr Cys Gln Pro Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35

40

45

Val Lys Gly Thr Asn Ala

50

<210> 1016

<211> 18

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(18)

<223> human BCMA

<400> 1016

Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg

1 5 10 15

Tyr Cys

<210> 1017

<211> 17

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(17)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1017

Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Thr Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr

1 5 10 15

Cys

<210> 1018

<211> 7

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(7)

<223> human BCMA

<400> 1018

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln

1 5

<210> 1019

<211> 13

<212> PRT

<213> human

<220><221> misc

<222> (1)..(13)

<223> human BCMA

<400> 1019

Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser Val Lys Gly Thr Asn Ala

1 5 10

<210> 1020

<211> 7

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(7)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1020

Met Leu Gln Met Ala Arg Gln

1 5

<210> 1021

<211> 13

<212> PRT

<213> rhesus monkey

<220><221> misc

<222> (1)..(13)

<223> rhesus monkey BCMA

<400> 1021

Asn Ala Ser Met Thr Asn Ser Val Lys Gly Met Asn Ala

1 5 10

<210> 1022

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-101

<400> 1022

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Asp Met Ala

1 5 10

<210> 1023

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-101

<400> 1023

Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1024

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-101

<400> 1024

His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 1025

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-101

<400> 1025

Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp



1 5 10

<210> 1026

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-101

<400> 1026

Gly Ala Ser Asn Arg His Thr

1 5

<210> 1027

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-101

<400> 1027

Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr

1 5

<210> 1028

<211> 121

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-101

<400> 1028

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
100 105 110  
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1029

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-101

<400> 1029

Glu Thr Val Met Thr Gln Ser Pro Thr Ser Met Ser Thr Ser Ile Gly  
1 5 10 15  
Glu Arg Val Thr Leu Asn Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn  
20 25 30  
Val Asp Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His Thr Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly

50 55 60  
Ser Gly Phe Gly Arg Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Val Glu Ala  
65 70 75 80  
Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe  
85 90 95  
Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys  
100 105

<210> 1030

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-101 scFv

<400> 1030

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
                     20                      25                      30  
 Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Lys Gly Leu Glu Trp Val  
                     35                      40                      45  
 Ala Ser Ile Ile Thr Ser Gly Gly Asp Asn Tyr Tyr Arg Asp Ser Val  
                     50                      55                      60  
  
 Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys  
                     85                      90                      95  
 Val Arg His Asp Tyr Tyr Asp Gly Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly  
                     100                      105                      110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly  
                     115                      120                      125  
  
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Thr Val Met Thr Gln Ser  
                     130                      135                      140  
 Pro Thr Ser Met Ser Thr Ser Ile Gly Glu Arg Val Thr Leu Asn Cys  
 145                      150                      155                      160  
 Lys Ala Ser Gln Ser Val Gly Ile Asn Val Asp Trp Tyr Gln Gln Thr  
                     165                      170                      175  
 Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg His  
                     180                      185                      190  
  
 Thr Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Phe Gly Arg Asp Phe  
                     195                      200                      205  
 Thr Leu Thr Ile Ser Asn Val Glu Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr  
                     210                      215                      220  
 Cys Leu Gln Tyr Gly Ser Ile Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys  
 225                      230                      235                      240  
 Leu Glu Leu Lys

<210> 1031

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-102

<400> 1031

Gly Tyr Thr Phe Thr Asn His Ile Ile His

1 5 10

<210> 1032

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-102

<400> 1032

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Asp Thr Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1033

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-102

<400> 1033

Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Met Asp Val Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1034

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-102

<400> 1034

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 1035

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-102

<400> 1035

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 1036

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-102

<400> 1036

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 1037

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-102

<400> 1037

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn

20 25 30

His Ile Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Asp Thr Glu Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr  
85 90 95  
Cys Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Met Asp Val Met Asp Tyr Trp  
100 105 110  
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1038

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-102

<400> 1038

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly  
1 5 10 15  
Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln  
65 70 75 80  
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp  
85 90 95  
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1039

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-102 scFv

<400> 1039

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn  
                     20                      25                      30  
 His Ile Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp  
                     35                      40                      45  
 Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Asp Thr Glu Tyr Asn Glu Lys  
                     50                      55                      60  
  
 Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala  
 65                      70                      75                      80  
 Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr  
                     85                      90                      95  
 Cys Ala Arg Asp Gly Tyr Tyr Arg Asp Met Asp Val Met Asp Tyr Trp  
                     100                      105                      110  
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
                     115                      120                      125  
  
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr  
                     130                      135                      140  
 Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys  
 145                      150                      155                      160  
 Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys  
                     165                      170                      175  
 Pro Asp Gly Thr Val Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His  
                     180                      185                      190  
  
 Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr  
                     195                      200                      205  
 Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe  
                     210                      215                      220  
 Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
 225                      230                      235                      240  
 Leu Glu Ile Lys

<210> 1040

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-103

<400> 1040

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Asp Met Ala

1 5 10

<210> 1041

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-103

<400> 1041

Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1042

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-103

<400> 1042

Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 1043

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-103

<400> 1043

Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala



1 5 10

<210> 1044

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-103

<400> 1044

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp

1 5

<210> 1045

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-103

<400> 1045

Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1046

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-103

<400> 1046

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Leu Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Tyr Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
85 90 95  
Cys Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp  
100 105 110  
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1047

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-103

<400> 1047

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly  
1 5 10 15  
Glu Thr Val Thr Ile Glu Cys Arg Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly  
20 25 30  
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Ser Gly Met Gln Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Glu Ala Asn Tyr Phe Cys Gln Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu  
85 90 95  
Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys  
100 105

<210> 1048

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-103 scFv

<400> 1048

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Leu Gln Pro Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn  
                     20                      25                      30  
 Tyr Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Lys Gly Leu Glu Trp  
                     35                      40                      45  
 Val Ala Ser Ile Ser Thr Arg Gly Asp Ile Thr Ser Tyr Arg Asp Ser  
                     50                      55                      60  
  
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu  
 65                      70                      75                      80  
 Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
                     85                      90                      95  
 Cys Ala Arg Gln Asp Tyr Tyr Thr Asp Tyr Met Gly Phe Ala Tyr Trp  
                     100                      105                      110  
 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
                     115                      120                      125  
  
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala  
                     130                      135                      140  
 Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Thr Val Thr Ile Glu Cys Arg Ala  
 145                      150                      155                      160  
 Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly  
                     165                      170                      175  
 Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Asp Gly  
                     180                      185                      190  
  
 Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu  
                     195                      200                      205  
 Lys Ile Ser Gly Met Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asn Tyr Phe Cys Gln  
                     210                      215                      220  
 Gln Ser Tyr Lys Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu  
 225                      230                      235                      240  
 Leu Lys Gly Ser

<210> 1049

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-104

<400> 1049

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe Asp Met Ala

1 5 10

<210> 1050

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-104

<400> 1050

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1051

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-104

<400> 1051

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1052

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-104

<400> 1052

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu

1 5 10

<210> 1053

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-104

<400> 1053

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 1054

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-104

<400> 1054

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr

1 5

<210> 1055

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-104

<400> 1055

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
85 90 95  
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp  
100 105 110  
Gly Gln Gly Ala Ser Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1056

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-104

<400> 1056

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly  
1 5 10 15  
Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr  
20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr  
85 90 95  
Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1057

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-104 scFv

<400> 1057

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn  
                     20                      25                      30  
 Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp  
                     35                      40                      45  
 Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser  
                     50                      55                      60  
  
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu  
 65                      70                      75                      80  
 Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
                     85                      90                      95  
 Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp  
                     100                      105                      110  
 Gly Gln Gly Ala Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
                     115                      120                      125  
  
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr  
                     130                      135                      140  
 Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys  
 145                      150                      155                      160  
 Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys  
                     165                      170                      175  
 Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln  
                     180                      185                      190  
  
 Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr  
                     195                      200                      205  
 Ser Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr  
                     210                      215                      220  
 Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys  
 225                      230                      235                      240  
 Leu Glu Ile Lys

<210> 1058

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-105

<400> 1058

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe Asp Met Ala

1 5 10

<210> 1059

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-105

<400> 1059

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1060

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-105

<400> 1060

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1061

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-105

<400> 1061

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn



1 5 10

<210> 1062

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-105

<400> 1062

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 1063

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-105

<400> 1063

Gln Gln Tyr Asp Ser Phe Pro Leu Thr

1 5

<210> 1064

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-105

<400> 1064

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
85 90 95  
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp  
100 105 110  
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1065

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-105

<400> 1065

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly  
1 5 10 15  
Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His  
20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ser Phe Pro Leu  
85 90 95  
Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1066

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-105 scFv

<400> 1066

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn  
                     20                      25                      30  
 Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp  
                     35                      40                      45  
 Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser  
                     50                      55                      60  
  
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu  
 65                      70                      75                      80  
 Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
                     85                      90                      95  
 Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp  
                     100                      105                      110  
 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
                     115                      120                      125  
  
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr  
                     130                      135                      140  
 Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys  
 145                      150                      155                      160  
 Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn His Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys  
                     165                      170                      175  
 Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln  
                     180                      185                      190  
  
 Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr  
                     195                      200                      205  
 Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr  
                     210                      215                      220  
 Cys Gln Gln Tyr Asp Ser Phe Pro Leu Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys  
 225                      230                      235                      240  
 Leu Glu Ile Lys

<210> 1067

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-106

<400> 1067

Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe Asp Met Ala

1 5 10

<210> 1068

<211> 17

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-106

<400> 1068

Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1069

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-106

<400> 1069

His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 1070

<211> 11

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-106

<400> 1070

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 1071

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-106

<400> 1071

Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser

1 5

<210> 1072

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-106

<400> 1072

Gln Gln Phe Asp Thr Ser Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1073

<211> 122

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-106

<400> 1073

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

1 5 10 15

Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser

50 55 60

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
85 90 95  
Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp  
100 105 110  
Gly Gln Gly Val Met Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 1074

<211> 107

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-106

<400> 1074

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly  
1 5 10 15  
Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn  
20 25 30  
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile  
35 40 45  
Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60  
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro  
65 70 75 80  
Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asp Thr Ser Pro Tyr  
85 90 95  
Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
100 105

<210> 1075

<211> 244

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-106 scFv

<400> 1075

Glu Val Gln Leu Val Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn  
                     20                      25                      30  
 Phe Asp Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Thr Arg Gly Leu Glu Trp  
                     35                      40                      45  
 Val Ala Ser Ile Thr Thr Gly Gly Gly Asp Thr Tyr Tyr Arg Asp Ser  
                     50                      55                      60  
  
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser Thr Leu  
 65                      70                      75                      80  
 Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr  
                     85                      90                      95  
 Cys Val Arg His Gly Tyr Tyr Asp Gly Tyr His Leu Phe Asp Tyr Trp  
                     100                      105                      110  
 Gly Gln Gly Val Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly  
                     115                      120                      125  
  
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr  
                     130                      135                      140  
 Pro Ser Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val Thr Ile Ser Cys  
 145                      150                      155                      160  
 Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys  
                     165                      170                      175  
 Pro Asp Gly Thr Ile Lys Pro Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Asn Leu Gln  
                     180                      185                      190  
  
 Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr  
                     195                      200                      205  
 Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr  
                     210                      215                      220  
 Cys Gln Gln Phe Asp Thr Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys  
 225                      230                      235                      240  
 Leu Glu Ile Lys

<210> 1076

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-107

<400> 1076

Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5 10

<210> 1077

<211> 13

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-107

<400> 1077

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu

1 5 10

<210> 1078

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-107

<400> 1078

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1079

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-107

<400> 1079

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 1080



<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-107

<400> 1080

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 1081

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-107

<400> 1081

Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1082

<211> 120

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-107

<400> 1082

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp

20 25 30

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 1083

<211> 112

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL of BCMA-107

<400> 1083

Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser  
 20 25 30  
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser  
 35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
 50 55 60  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
 65 70 75 80  
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser  
 85 90 95  
 Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110

<210> 1084

<211> 247

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> BCMA-107 scFv

<400> 1084

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly  
 1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp  
20 25 30  
Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp  
35 40 45  
Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg  
50 55 60  
Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala  
65 70 75 80  
Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe  
85 90 95  
Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln  
100 105 110  
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
115 120 125  
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu  
130 135 140  
Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser  
145 150 155 160  
Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr  
165 170 175  
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser  
180 185 190  
Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly  
195 200 205  
Ala Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly  
210 215 220  
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly  
225 230 235 240  
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
245

<210> 1085

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR1 of BCMA-108

<400> 1085

Gly Tyr Ser Phe Pro Asp Tyr Tyr Ile Asn

1 5 10

<210> 1086

<211> 13

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR2 of BCMA-108

<400> 1086

Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu

1 5 10

<210> 1087

<211> 10

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH CDR3 of BCMA-108

<400> 1087

Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10

<210> 1088

<211> 16

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR1 of BCMA-108

<400> 1088

Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His

1 5 10 15

<210> 1089

<211> 7

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR2 of BCMA-108

<400> 1089

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 1090

<211> 9

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VL CDR3 of BCMA-108

<400> 1090

Phe Gln Gly Ser His Val Pro Trp Thr

1 5

<210> 1091

<211> 120

<212> PRT

<213> artificial

<220><223> VH of BCMA-108

<400> 1091

Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Gln Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp

20 25 30

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110  
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser  
 115 120  
 <210> 1092  
 <211> 112  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> VL of BCMA-108  
 <400> 1092  
 Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser  
 20 25 30  
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser  
 35 40 45  
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro  
 50 55 60  
 Gly Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
 65 70 75 80  
 Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly  
 85 90 95  
 Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys  
 100 105 110  
 <210> 1093  
 <211> 247  
 <212> PRT  
 <213> artificial  
 <220><223> BCMA-108 scFv  
 <400> 1093  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Gln Ser Gly Pro Gln Leu Val Lys Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Ser Phe Pro Asp  
 20 25 30

Tyr Tyr Ile Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Trp Ile Tyr Phe Ala Ser Gly Asn Ser Glu Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Thr Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Ser Leu Tyr Asp Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Thr Pro Leu

130 135 140

Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser

145 150 155 160

Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr

165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser

180 185 190

Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Gly Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245